

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

cagaccaga aagtagtgac cagccctcct cggattaccc ttcattgget cctcccttgc 60
gccgcccacc ctccagattt gcataaaaaa ggccaagaaa actctggctg tgccccagca 120
acggctcatt ctgctccccc gggtcggagc cccccggagc tgccgcgggg cttgcagcgc 180
15 ctgcgccgcg ctgtcctccc ggtgtcccgc ttctccgcgc ccagccgcgc ggctgccagc 240
ttttcggggc cccgagtcgc acccagcgaa gagagcgggc ccgggacaag ctgcaactcc 300
ggcgcctcgc cccttccccg gctccgctcc ctctgcccc tcggggtcgc gcgcccacga 360
tgctgcaggg ccctggctcg ctgctgctgc tcttctcgc ctgcactgc tgcctgggct 420
cggcgcgcg gctcttcttc ttggccagc cgcacttctc ctacaagcgc agaattgcaa 480
20 gcccattccc gccaacctgc agctgtgcca cggcatcgaa taccagaaca tgcggctgcc 540
caacctgctg ggccacgaga ccatgaagga ggtgctggag caggccggcg cttggatccc 600
gctggtcatg aagcagtgcc acccgacac caagaagttc ctgtgctcgc tcttcgcccc 660
cgtctgcctc gatgacctag acgagaccat ccagccatgc cactcgcctc gcgtgcaggt 720
gaaggaccgc tgcgccccgc tcatgtccgc ctccgcttc ccctggcccg acatgcttga 780
25 gtgcgaccgt ttccccagc acaacgacct ttgcatcccc ctgcctagca gcgaccacct 840
cctgccagcc accgaggaag ctccaaaggt atgtgaagcc tgcaaaaata aaaatgatga 900
tgacaacgac ataattgaaa cgctttgtaa aaatgatttt gcaactgaaa taaaagtga 960
ggagataaacc tacatcaacc gagataccaa aatcatcctg gagaccaaga gcaagaccat1020
ttacaagctg aacgggtgtg ccgaaaggga cctgaagaaa tcgggtgctgt ggctcaaaga1080
30 cagcttgacg tgcacctgtg aggagatgaa cgacatcaac gcgccctatc tggctatggg1140
acagaaacag ggtggggagc tggatgacac ctccgtgaag cgggtgcaga aggggcagag1200
agagttcaag cgcactctcc gcagcatccg caagctgcag tgctagtccc ggcacacctga1260
tggtccgac aggcctgctc cagagcacgg ctgaccattt ctgctccggg atctcagctc1320
ccgttcccc aacacactcc tagctgctcc agtctcagcc tgggcagctt cccctgcctc1380
35 tttgcacggt tgcacccca gcatttctct agttataagg ccacaggagt ggatagctgt1440
tttcacctaa atgaaagcc caccgaatc ttgtagaact attcaacta ataaaatcat1500
gaatattttt atgaagttaa aaaatagctc actttaagc tagttttgaa taggtgcaac1560
tgtgacttgg gtctggttgg ttgtgtttg ttgttttgag tcagctgatt ttcacttccc1620
actgaggttg tcataacatg caaattgctt caattttctc tgtggcccaa acttgtgggt1680
40 cacaaccct gttgagataa agctggctgt tatctcaaca tcttcatcag ctccagactg1740
agactcagtg tctaagtctt acaacaattc atcattttat accttcaatg ggaacttaaa1800
ctgttacatg tatcacattc cagctacaat acttccattt attagaagca cattaaccat1860
ttctatagca tgatttcttc aagtaaaagg caaaagatat aaattttata attgacttga1920
gtactttaag ccttgtttta aacatttctt acttaacttt tgcaaatata acccatttga1980
45 gcttacctgt aatatacata gtagtttacc tttaaaagtt gtaaaaatat tgctttaacc2040
aacactgtaa atatttcaga taaacattat attcttgat ataaacttta catcctgttt2100
tacctataaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagg aa 2142

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1111 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15  cgtgggcgaa catgggagct gttcctcgcg ggccgccggg tgctggtcac cggggcaggc 60
    aaaggtatag ggcgcggcac ggtccaggcg ctgcacgcga cgggcgcgcg ggtggtggct 120
    gtgagccgga ctcaggcgga tcttgacagc cttgtccgcg agtgcccggg gatagaaccc 180
    gtgtgctggt acctgggtga ctgggaggcc accgagcggg cgctgggcag cgtgggcccc 240
    gtggacctgc gcggagactg cgccgacatg gagctgttcc tcgcgggccc cggggtgctg 300
20  gtcaccgggg caggcaaagg tatagggcgc ggacgggtcc aggcgctgca cgcgacgggc 360
    gcgcgggttg tggctgtgag ccggactcag gcggtcttg acagccttgt ccgcgagtgc 420
    ccggggatag aaccctgtgt cgtggacctg ggtgactggg aggccaccga gcgggcgctg 480
    ggcagcgttg gccccgtgga cctgctggtg aacaacgcgc ctgtcgccct gctgcagccc 540
    ttcctggagg tcaccaagga ggccctttgac agatcctttg aggtgaacct gcgtgcggtc 600
25  atccagggtg cgcagattgt ggccaggggc ttaatagccc ggggagtcac aggggccatc 660
    gtgaatgtct ccagccagtg ctcccagcgc gcagtaacta accatagcgt ctactgctcc 720
    accaagggtg ccctggacat gctgaccaag gtgatggccc tagagctcgg gccccacaag 780
    atccgagtga atgcagtaaa cccacagtg gtgatgacgt ccatgggcca ggccacctgg 840
    agtgaccccc acaaggccaa gactatgctg aaccgaatcc cacttgccaa gtttgcgtgag 900
30  gtagagcacg tgggtgaacgc catcctcttt ctgctgagt accgaagtgg catgaccacg 960
    ggttccactt tgccgggtga agggggcttc tgggcctgct gagctccctc cacacacctc 1020
    aagcccatg ccgtgctcat cctaccccca atccctccaa taaacctgat tctgctgccc 1080
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa g 1111

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 657 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15  cgtgggcgaa catgggagct gttcctcgcg ggccgcggg tgctggtcac cggggcaggc 60
    aaaggtatag ggcgcggcac ggtccaggcg ctgcacgcga cgggcgcgcg ggtggtggct 120
    gtgagccgga ctcaggcgga tcttgacagc cttgtccgcg agtgcccggg gatagaaccc 180
    gtgtgcgtgg acctgggtga ctgggaggcc accgagcggg cgctgggcag cgtgggcccc 240
    gtggacctgc gcggagactg cgcgcacatg gagctgttcc tcgcgggccg ccgggtgctg 300
20  gtcaccgggg caggcaaaag tataggcgcg ggcaaggctc aggcgctgca cgcgacgggc 360
    gcgcgggtgg tggctgtgag ccggactcag gcgcatcttg acagccttgt ccgcgagtgc 420
    ccggggatag aaccgcgtgt cgtggacctg ggtgactggg aggccaccga gcgggcgctg 480
    ggcagcgtgg gccccgtgga cctgctggtg aacaacgcgc ctgtcgccct gctgcagccc 540
    ttcttgaggg tcaccaagga ggcctttgac agatcctttg aggtgaacct gcgtgcggtc 600
25  atccagggtg cgcagattgt ggccaggggc ttaatagccc ggggagtcac agggggccatc 660
    gtgaatgtct ccagccagtg ctcccagcgg gcagtaacta accatagcgt ctactgctcc 720
    accaagggtg ccctggacat gctgaccaag gtgatggccc tagagctcgg gcccacaaag 780
    atccgagtga atgcagtaaa cccacagtg gtgatgacgt ccatgggcca ggccacctgg 840
    agtgaccccc acaaggccaa gactatgctg aaccgaatcc cacttgcaa gtttgctgag 900
30  gtagagcacg tgggtgaacgc catcctcttt ctgctgagtg accgaagtgg catgaccacg 960
    ggttccactt tgccggtgga agggggcttc tgggctgct gagctccctc cacacacctc 1020
    aagccccatg ccgtgctcat cctaccccc aatccctcaa taaacctgat tctgctgccc 1080
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa g 1111

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 657 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

5 atttaaagcc tggattgtaa ccagattttc ttttttcccc cttctcagct gtagatatga 60  
 tatctccttt cagggcccca gcttaagggc aaagtgagtt aatgtgtaga caaaggcgag120  
 ggacaagaga gagttaacat ctagacagtg gaaaaagcca tgggtgtgtgg tttctgggaal80  
 ccaccaacac ttgcaggttt agctttttcc cagggttgac tacaagaaag aaaaccatgt240  
 ttttgcaaga ttaaaatgtg gttgagtgtg cctaaattaa ccatcccat ttttatcata300  
 tttccaccat cacttcaggg ttttaagagt cagtgtcac ctgggcggac tggtagtaca360  
 10 ttttgcttct tagaaagcta agtcctgggt tccgtctgat tttaggttcc aggaacttcc420  
 tgagaacacc cgatcgaga gggtaatttt ctggagtttg ttttgcaggg atagctggga480  
 gtatggccac cctgctccac gatgcggtaa tgaatccagc agaagtgggtg aagcagcgct540  
 tgcagatgta caactcgag caccggtcag caatcagctg catccggacg gtgtggagga600  
 ccgaggggtt gggggccttc taccggagct acaccacgcc gagccctatc tcgtgcc 657  
 15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 863 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

35

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

5 atttaaagcc tggattgtaa ccagattttc ttttttcccc cttctcagct gtagatatga 60  
 tatctccttt cagggcccca gcttaagggc aaagtgagtt aatgtgtaga caaaggcgag120  
 ggacaagaga gagttaacat ctacacagtg gaaaaagcca tgggtgtgtg tttctgggaa180  
 ccaccaacac ttgcaggttt agctttttcc cagggttgac tacaagaaag aaaaccatgt240  
 ttttgcaaga ttaaaatgtg gttgagtggt cctaaattaa ccatcccat ttttatcata300  
 10 tttccaccat cacttcaggg ttttaagagt cagtgtctac ctgggcggac tggtagtaca360  
 ttttgcttct tagaaagcta agtcctgggt tccgtctgat tttaggttcc aggaacttcc420  
 tgagaacacc cgatcgagga gggtaatttt ctggagtttg ttttgcaggg atagctggga480  
 gtatggccac cctgctccac gatcggttaa tgaatccagc agaagtgggt aagcagcgct540  
 tgcagatgta caactcgag caccggtcag caatcagctg catccggacg gtgtggagga600  
 15 ccgaggggtt gggggccttc taccggagct acaccacgcc gagccctatc tcgtgcc 657

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 863 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

40 gcgggtcggtg gtgcggcgct gtttaaagat ggccggcgag gaacctcagc agcagaagca 60  
 ggagccgctg ggcagcgact ccgaaggtgt taactgtctg gcctatgatg aagccatcat120  
 ggctcagcag gaccgaattc agcaagagat tgctgtgcag aacctctctg tgtcagagcg180  
 gctggagctc tcggtcctat acaaggagta tgctgaagat gacaacatct atcaacagaa240  
 45 gatcaaggac ctccacaaaa agtactcgta catccgcaag accaggcctg acggcaactg300  
 tttctatcgg gctttcggat tctcccactt ggaggcactg ctggtatgaca gcaaggagtt360  
 gcagcggttc aaggtctgtg ctgccaagag caaggaagac ctggtgtccc agggcttcac420  
 tgaattcaca attgaggatt tccacaacac gttcatggac ctgattgagc aggtggagaa480  
 gcagacctct gtgcggcacc tgctggcctc cttcaatgac cagagcacct ccgactacct540  
 tgtggtctac ctgcggctgc tcacctcggg ctacctgcag cgcgagagca agttcttcga600  
 50 gcacttcacg gagggtggac ggactgtcaa ggagttctgc cagcaggagg tggagcccat660  
 gtgcaaggag agcgaccaca tccacatcat tgcgtggccc caggccctca gcgtgtccat720  
 ccagggtggag tacatggacc gcggcgaggg cggcaccacc aatccgcaca tcttccttga780  
 gggcttccga gcccaaggtc ttacctgtt ttaaccggct tggggcaatt taggtattgc840  
 55 tttttacaaa taggggtttg gtt 863

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1015 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

aattcggaac gagggcgccct gcaagccatg atgacccacc tgcattgtgaa gtctacagaa 60
cccaaagctg cccctcagcc cctgaatctg gtatcaagtg tcacctctc caagtccgca 120
tcggaggctt ctccacagag cttacctcat actccaacga cccaaccgc cccctgact 180
cccgctaccc aaggccctc tgtcatcaca accaccagca tgcacacggt gggaccatc 240
cgcaggcggg actcagacaa atacaacgtg ccatttctg cagcagatat tgcgcagaac 300
caagaatttt ataagaacgc agaagttaga ccaccattta catatgcac ttttaattagg 360
caggccattc tcgaatctcc agaaaagcag ctaacactaa atgagatcta taactgggtc 420
acacgaatgt ttgcttactt ccgacgcaac gcggccacgt ggaagaatgc agtgcgtcat 480
aatcttagtc ttcacaagtg ttttgtgcga gtagaaaacg ttaaaggggc agtatggaca 540
gtggatgaag tagaattcca aaaacgaagg ccacaaaaga tcagtggtaa cccttccctt 600
attaaaaaca tgcagagcag ccacgcctac tgcacacctc tcaatgcagc tttacaggct 660
tcaatggctg agaatagtat acctctatac actaccgctt ccatgggaaa tcccactctg 720
ggcaacttag ccagcgcaat acgggaagag ctgaacgggg caatggagca taccaacagc 780
aacgagagtg acagcagtc aggcagatct cctatgcaag ccgtgcatcc tgtacacgtc 840
aaagaagagc ccctcgatcc agaggaagct gaagggccccc tgtccttagt gacaacagcc 900
aaccacagtc cagattttga ccatgacaga gattacgaag atgaaccagt aaacgaggac 960
atggagtgac tatcggggcg ggccaacccc gagaatgaag attggaaaaa aaaaa 1015

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2532 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1015 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

aattcggaac gagggcgccct gcaagccatg atgacccacc tgcattgtgaa gtctacagaa 60
cccaaagctg cccctcagcc cctgaatctg gtatcaagtg tcaccctctc caagtccgca 120
tcggaggcctt ctccacagag cttacctcat actccaacga ccccaaccgc cccctgact 180
cccgtcaccc aaggccctc tgtcatcaca accaccagca tgcacacggt gggacccatc 240
cgcaggcggt actcagacaa atacaacgtg cccatttcgt cagcagatat tgcgcagAAC 300
caagaatttt ataagaacgc agaagttaga ccaccattta catatgcata ttttaattagg 360
caggccattc tcgaatctcc agaaaagcag ctaacactaa atgagatcta taactgggtc 420
acacgaatgt ttgcttactt cgcagcaac gcggccacgt ggaagaatgc agtgcgtcat 480
aatcttagtc ttcacaagtg ttttgtgcga gtagaaaacg tttaaagggc agtatggaca 540
gtggatgaag tagaattcca aaaacgaagg ccacaaaaga tcagtggtaa cccttccctt 600
attaaaaaca tgcagagcag ccacgcctac tgcacacctc tcaatgcagc tttacaggct 660
tcaatggctg agaatagtat acctctatac actaccgctt ccattgggaaa tcccactctg 720
ggcaacttag ccagcgcaat acggaagag ctgaacgggg caatggagca taccaacagc 780
aacgagagtg acagcagtc aggcagatct cctatgcaag ccgtgcatcc tgtacacgtc 840
aaagaagagc ccctcgatcc agaggaagct gaagggcccc tgccttagt gacaacagcc 900
aaccacagtc cagattttga ccatgacaga gattacgaag atgaaccagt aaacgaggac 960
atggagtgac tatcggggcg ggccaacccc gagaatgaag attggaaaaa aaaaa 1015

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2532 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

gctcgatgtg caagtgaagg atgattccag ggccctgact ttaggagcac tgacgctgcc 60  
tctggcccgct ctgctgactg ccccgagaact catcctggac cagtgggtcc agctcagcag 120  
ctctgggtcca aactccagac tctatatgaa actagtcag aggatcctgt acttggattc 180  
15 atcagaaaata tgcttcccca cgggtgcctgg ttgtcctggt gcttgggacg tggacagtga 240  
gaatccccag agaggcagca gtgtggatgc cccacctcga ccctgtcaca cgactcctga 300  
tagccagttt gggactgagc atgtgcttgc gatccatgta ttagaggccc aggacctgat 360  
tgccaaagac cgtttcttgg ggggactggt gaaggccaag tcagaccctt atgtcaaaact 420  
aaagttggca ggacgaagct tccggagcca tgttgttcgg gaagatctca atccccgtg 480  
20 gaatgaggtt tttgaggtga tgcgtcacatc agttccaggc caagagctag aggttgaagt 540  
ctttgacaag gacttgagca aggatgattt tctgggcagg tgtaaagtgc gtctcaccac 600  
agtcttaaac agtggcttcc ttgatgagt gctgaccctg gaggatgtcc catctggccg 660  
cctgcacttg cgctgggagc gtctcaccct cctgcccact gctgctgagt tagaggaggt 720  
gctgcaggtg aatagtttga tccagactca gaagagtgcg gagctggctg cggccctgct 780  
25 atccatctat atggagcggg cagaggacct cccgctgcga aaaggcaca agcacctcag 840  
cccttatgct actctcactg tgggagatag ttctcataaa accaagacta tttcgcaaac 900  
ttcagccctt gtctgggatg agagtgcctc ctttctcctc aggaaccac acactgagag 960  
cctagagttg caggttcggg gtgagggcac tggcggtgctg ggctcattat ccctgccctt 1020  
ctcagagctc ctctggctg accagctctg cttggaccgc tgggtttacac tcagcagtg 1080  
30 tcaggggcag gtgctactga gacacagct agggatcctg gtgtcccagc actcgggagt 1140  
ggaagctcat agccacagct acagccacag ctctcatcg ctgagtgaag aaccagagct 1200  
ctcgggggga cccctcaca tcacctctc agccccagag ctccggcagc gcctaacaca 1260  
tgttgacagt ccccttgagg ctccagccgg gcctctgggc caggtgaaac tgactctgtg 1320  
gtactacagt gaagaacgaa agctggctag cattgttcat ggttgccggt cccttcgaca 1380  
35 gaatggacgt gatcctcctg atccctatgt gtcactgttg ctactgccag acaagaaccg 1440  
aggcaccag aggaggacct cacagaagaa gaggaccctg agtcctgaat ttaatgaacg 1500  
gtttgagtg gaactcccc tggatgaggc ccagagacga aagctggatg tctctgtcaa 1560  
gtctaattcc tccctcatgt caagagagcg tgactgctgg ggaaggtgca gctggacct 1620  
40 gctgagacag acctttccca ggggtgtagc cgggtggtatg acctgatgga caacaaggac 1680  
aagggcagct cctaggagct ggcgagctcc agcctgactg ctctgtcttc ctgccttctg 1740  
ctcgtctcat caccgcctca atgtgatgag cctaaagcta ggggtccaagg gcagagcctg 1800  
tgcccttcag ccccttcacc taacaggccc atattcgggc ctttgccctga ccaaagagaa 1860  
gaaccgtatg ttccctttac tgcacggcct ttatccttct gggccctggt ggccggggacc 1920  
tgagctggct gtttcctgct ttgcctgcac attgttctcc ctctctccca actcctcagg 1980  
45 gccttctgta tctgtgctg gccagtggca gcaactagcag tggattagc ttatgccaaa 2040  
tacagcttg gaaggatctt ttttcttta actagatggt cacctctctc cctaccacac 2100  
atgggtggga aggtggacag gctaacctct ccagctgtga gcctcttaga ctactgcatg 2160  
tagcaaatgt tcagcagctc aggcccccat gtccagttct gtccccactg tcctcaacc 2220  
tgtcctgaaa attctactgc tttgatggct ggggccagtc tcttgtcact ttggaaactg 2280  
50 aggacgcgtg gattctactc aagcctccaa gtatggcat atcagtcttg gagctcctag 2340  
ctgggtgatac ggagagggct ttggaggact tgggacagca gggccaattt ttttgccaa 2400  
gtgcctagga tgctaactca ctgactagaa cttaatctgg tactttacag ttttgacca 2460  
actctgccaa gccactggat cttacattaa acatcatact caaaaaaaaaa aaaaaataaa 2520  
ataaaaaaaaaa aa 2532

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 776 Basenpaare

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

gctcgatgtg caagtgaagg atgattccag ggccctgact ttaggagcac tgacgctgcc 60  
tctggcccgc ctgctgactg ccccagaact catcctggac cagtgggtcc agctcagcag 120  
ctctgggtcca aactccagac tctatatgaa actagtcagt aggatcctgt acttggattc 180  
15 atcagaaaata tgcttcccca cgggtgcctgg ttgtcctggt gcttgggacg tggacagtga 240  
gaatccccag agaggcagca gtgtggatgc ccacactcga ccctgtcaca cgactcctga 300  
tagccagttt gggactgagc atgtgcttcg gatccatgta ttagaggccc aggacctgat 360  
tgccaaagac cgtttcttgg ggggactggt gaagggcaag tcagaccctt atgtcaaact 420  
aaagtgtgca ggacgaagct tccggagcca tgtgttctgg gaagatctca atcccgcctg 480  
20 gaatgaggtt tttgaggtga tcgtcacatc agttccaggc caagagctag aggttgaagt 540  
ctttgacaag gacttggaca aggatgattt tctgggcagg tgtaaagtgc gtctcaccac 600  
agtcttaaac agtggcttcc ttgatgagtg gctgaccctg gaggatgtcc catctggccg 660  
cctgcacttg cgcttgagc gtctcaccac ccgtcccact gctgctgagt tagaggaggt 720  
gctgcaggtg aatagtttga tccagactca gaagagtgcg gagctggctg cggccctgct 780  
25 atccatctat atggagcggg cagaggacct cccgtgcga aaaggcacca agcacctcag 840  
cccttatgct actctcactg tgggagatag ttctcataaa accaagacta tttcgcaaac 900  
ttcagccccct gctcgggatg agagtgcctc ctttctcatc aggaaaccac acactgagag 960  
cctagagttg caggttcggg gtgagggcac tggcgtgctg ggctcattat ccctgccctt 1020  
ctcagagctc ctctgtgctg accagctctg cttggaccgc tggtttacac tcagcagtggt 1080  
30 tcagggggcag gtgctactga gacacagct acagccacag ctctcatcg ctgagtgaag aaccagagct 1200  
ggaagctcat agccacagct acagccacag ctctcatcg ctgagtgaag aaccagagct 1200  
ctcgggggga cccctcaca tcacctctc agccccagag ctccggcagc gcctaacacal 1260  
tgttgacagt ccccttgagg ctccagccgg gcctctgggc caggtgaaac tgactctgtg 1320  
gtactacagt gaagaacgaa agctggctag cattgttcat ggttgccggg cccttcgacal 1380  
35 gaatggacgt gatcctctg atccctatgt gtcactgttg ctactgccag acaagaaccg 1440  
aggcaccaag aggaggacct cacagaagaa gaggaccctg agtcctgaat ttaatgaacg 1500  
gtttgagtg ggactcccc ttgatgagc ccagagacga aagctggatg tctctgtcaa 1560  
gtctaattcc tcttctatgt caagagagcg tgactgctgg ggaaggtgca gctggacctal 1620  
40 gctgagacag acctttccca ggggtgtagc cgggtgtatg acctgatgga caacaaggac 1680  
aagggcagct cctaggagct ggcgagctcc agcctgactg ctctgtcttc ctgcctctgt 1740  
ctcgtcccat caccgcctca atgtgatgag cctaaagcta ggggtccaagg gcagagcctg 1800  
tgcccttcag ccccttcacc taacaggccc atattcgggc ctttgcctga ccaaagagaa 1860  
gaaccgtatg ttccctttac tgcacggcct ttatccttct gggcccttg ggcggggacc 1920  
tgagctggct gtttctgct ttgcctgcac attgttctcc cttcctccca actcctcagg 1980  
45 gccttctgta tctgtgctg gccagtggca gcaactagcag tggattagc ttatgcaaaa 2040  
tacagctttg gaaggatctt ttttcttta actagatggt cacttcttc cctaccacac 2100  
atgggtggga aggtggacag gctaacctct ccagctgtga gcctcttaga ctactgcatg 2160  
tagcaaatgt tcagcagctc agggcccat gtccagttct gtccccactg tctcaaccc 2220  
tgtctgaaa attctactgc ttgatggct ggggccagtc tctgttact ttggaaactg 2280  
50 aggacgcgtg gattctactc aagcctccaa gtatggcat atcagtcttg gagctcctag 2340  
ctgggtgatac ggagagggt ttggaggact tgggacagca gggccaattt ttttgcacaa 2400  
gtgcctaggt tgctaactca ctgactagaa cttaatctgg tactttacag ttttgcacca 2460  
actctgccaa gccactggat cttacattaa acatcatact caaaaaaaaa aaaaataaaa 2520  
ataaaaaaaaa aa 2532

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 776 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

20  
 tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttttgagaca aagtctcact gtgtcaccca 60  
 gactggaatg cagtgcacaca atctcggtct actgaaacct ctgccttcca ggttcaagct120  
 attctcatgc ctgcagcctct caagtagctg ggactacaga tgtgggccac catgtctggc180  
 taattttttt ttttttttgt agagacaggg ttctcgcatg ttgacgagac tggctctcgaa240  
 25 ctctctggcct caagtgatct gccgcctcag cttctcaaag tactgggatt atataggcat300  
 gagccactga gcctggccct gaagcgtttt tctcaaaggc cctcagttag ataaattaga360  
 tttggcatct cctgtcctgg gccagggatc tctctacaag agcccctgcc cctctgttgg420  
 aggcacagtt ttagaataag gaggaggagg gagaagagaa aatgtaaagg agggagatct480  
 ttcccaggcc gcaccatttc tgctactcac atggacccaa gataaaagaa tggccaaacc540  
 30 ctcaacaacc ctgatgtttg aagagttcca agttgaaggg aaacaaagaa gtgtttgatg600  
 gtgccagaga ggggtgctc tccagaaagc taaaatttaa tttctttttt cctctgagtt660  
 ctgtacttca accagcctac aagctggcac ttgctaacaa atcagaaata tgacaattaa720  
 tgattaaaga ctgtgattgc caccaaaaaa aaaaaaaca gccaggaaaa aaaggg 776

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 629 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 ( ) HERKUNFT:



- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

20

```

tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttttgagaca aagtctcact gtgtcaccca 60
gactggaatg cagtgcacaca atctcggtc actgaaacct ctgccttcca gggtcaagct120
attctcatgc ctcagcctct caagtagctg ggactacaga tgtggggccac catgtctggc180
taattttttt ttttttttgt agagacaggg tttcgccatg ttgacgagac tggctctgaa240
25 ctccctggcct caagtgatct gccgcctcag cttctcaaag tactgggatt atataggcat300
gagccactga gcctggccct gaagcgtttt tctcaaaggc ctcagtgcag ataaattaga360
tttgcatct cctgtcctgg gccagggatc tctctacaag agccctgcc cctctgttgg420
aggcacagtt ttagaataag gaggaggagg gagaagagaa aatgtaaagg agggagatct480
ttcccaggcc gcaccatttc tgtcactcac atggacccaa gataaaagaa tggccaaacc540
30 ctcacaaccc ctgatgtttg aagagttcca agttgaagg aaacaaagaa gtgtttgatg600
gtgccagaga ggggctgctc tccagaaagc taaaatttaa tttctttttt cctctgagtt660
ctgtacttca accagctac aagctggcac ttgctaaca atcagaaata tgacaattaa720
tgattaaaga ctgtgattgc caccaaaaaa aaaaaaaca gccaggaaaa aaaggg 776

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 629 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

5  cggtctgact tccgttactt gctgcggagg accgtgggca gccagggctg gtgaaggatc 60
   ccaaaatggc tgggcgaaaa cttgctctaa aaaccattga ctgggtagct tttgcagaga120
   tcatacccca gaacccaaaag gccattgcta gttccctgaa atcctggaat gagaccctca180
   cctccagggt ggctgcttta cctgagaatc caccagctat cgactgggct tactacaagg240
   ccaatgtggc caaggctggc ttggtggatg actttgagaa gaagttaaat gcgctgaagg300
10  ttcccgtgcc agaggataaa tatactgccc aggtggatgc cgaagaaaaa gaagatgtga360
   aatcttgtgc tgagtgggtg tctctctcaa aggcaggat tgtagaatat gagaaagaga420
   tggagaagat gaagaactta attccatttg atcagatgac cattgaggac ttgaatgaag480
   ctttcccgaga aaccaaatta gacaagaaaa agtatcccta ttggcctcac caaccaattg540
   agaatttata aaattgagtc caggaggaag ctctggccct tgtattacac attctggaca600
15  ttaaaaataa taattataca aaaaaaaaaa
                                     629

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 757 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

35

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

40  ggcggggagc agggggacac cagggtgaat caggaagacc cgaggggtgg cccccaccct 60
   ttctccaccc acgcggcagg ttccagggtg cctggctgga gtcagtcctc atcgtagtca120
   gcaacaacat tgacgaggag gcgctggccc gactggcca ggagggcagt gaggtgaatg180
   tcattggcat tggcaccagt gtggtcacct gcccacaaca gccttccctg ggtggcgtct240
45  ataagctggg ggccgtgggg ggccagccac gaatgaagct gaccgaggac cccgagaagc300
   agacgttgcc tgggagcaag gctgctttcc ggctcctggg ctctgacggg tctccactca360
   tggacatgct gcagttagca gaagagccag tgccacaggc tgggcaggag ctgagggtgt420
   ggctccagg ggcccaggag ccctgcaccg tgaggccagc ccagggtggag ccactactgc480
   ggctctgcct ccagcaggga cagctgtgtg agccgtccc atccctggca gagtctagag540
50  ccttgggcca gctgtccctg agccgactca gccctgagca caggcggctg cggagccctg600
   cacagtacca ggtggtgctg tccgagaggc tgcaggccct ggtgaacagt ctgtgtgcgg660
   ggcagtcccc ctgagactcg gagcggggtg gactggaaac aacacgaatc actcactttt720
   cccacagga agaggagggtg aggggaaggg gggggcg
                                     757

```

- 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

5  cggtcgact tccgttactt gctgcggagg accgtgggca gccaggggtcg gtgaaggatc 60
   ccaaaatggc tgggcgaaaa cttgctctaa aaaccattga ctgggtagct tttgcagaga120
   tcatacccca gaaccaaaag gccattgcta gttccctgaa atcctggaat gagaccctca180
   cctccaggtt ggctgcttta cctgagaatc caccagctat cgactgggct tactacaagg240
   ccaatgtggc caaggctggc ttggtggatg actttgagaa gaagttaaata gcgctgaagg300
10  ttcccgtgcc agaggataaa tatactgccc aggtggatgc cgaagaaaaa gaagatgtga360
   aatcttgtgc tgagtgggtg tctctctcaa aggccaggat tgtagaatat gagaaagaga420
   tggagaagat gaagaactta attccatttg atcagatgac cattgaggac ttgaatgaag480
   ctttcccaga aaccaaatta gacaagaaaa agtatcccta ttggcctcac caaccaattg540
   agaatttata aaattgagtc caggaggaag ctctggccct tgtattacac attctggaca600
15  ttaaaaaata taattataca aaaaaaaaaa
                                     629

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 757 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

35

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

40  ggcggggagc agggggacac caggggtgaat caggaagacc cgaggggtgg cccccacct 60
   ttctccaccc acgcggcagg ttccaggtgc cctggctgga gtcagtcctc atcgtagtca120
   gcaacaacat tgacgaggag gcgctggccc gactggccca ggagggcagt gaggtgaatg180
   tcattggcat tggcaccagt gtggtcacct gcccccaaca gccttccttg ggtggcgtct240
45  ataagctggg ggccgtgggg ggccagccac gaatgaagct gaccgaggac cccgagaagc300
   agacgttgcc tgggagcaag gctgctttcc ggctcctggg ctctgacggg tctccactca360
   tggacatgct gcagttagca gaagagccag tgccacaggc tgggcaggag ctgaggggtg420
   ggctcctcagg ggccagggag ccctgcaccg tgaggccagc ccaggtggag ccactactgc480
   ggctctgcct ccagcaggga cagctgtgtg agccgctccc atccctggca gagtctagag540
50  ccttgggccca gctgtccctg agccgactca gccctgagca caggcggctg cggagccctg600
   cacagtacca ggtggtgctg tccgagaggc tgcaggccct ggtgaacagt ctgtgtgcgg660
   ggcagtcccc ctgagactcg gagcggggct gactggaaac aacacgaatc actcactttt720
   cccacagga agaggaggtg agggaagagg gggggcg
                                     757

```

- 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1262 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

aatttggtga agagtgatcc tccctcatcc tctgcaaaca ttccataggc gataggaaga 60
actatgcctc tgccaagctt tctgagttgc tgccagaaga agttgaagca gaagtgaag 120
cagctgcaga gatataaatg ggaacagagg ttccagaaga agatatttgc aatattctgc 180
atctttgcac ccaggtgatt gaaatctctg aatatcgaac ccagctctat gaatatctac 240
aaaatcgaat gatggccatt gcacccaatg ttacagtcac ggttggggaa ttagttggag 300
cacggcttat tgctcatgca ggttctcttt taaatttggc caagcatgca gcttctaccg 360
ttcagattct tggagctgaa aaggcacttt tcagagccct caaatctaga cgggataccc 420
ctaagtatgg tctcatttat catgcttcac tcgtgggcca gacaagtccc aaacacaaag 480
gaaagatttc tgaatgctg gcagccaaaa ccgttttggc tatccgttat gatgcttttg 540
gtgaggattc aagttctgca atgggagttg agaacagagc caaattagag gccagggtga 600
gaactttgga agacagaggg ataagaaaaa taagtggaaac aggaaaagca ttagcaaaaa 660
cagaaaaata tgaacacaaa agtgaagtga agacttacga tccttctggt gactccacac 720
ttccaacctg ttctaaaaaa cgcaaaatag aacaggtaga taaagaggat gaaattactg 780
aaaagaaaagc caaaaaagcc aagattaaag tttaaagttg agaagaggaa gaagaaaaag 840
tggcagaaga agaagaaaca tctgtgaaga agaagaagaa aaggggtaaa aagaaacaca 900
ttaaggaaga accactttct gaggaagaac catgtaccag cacagcaatt gctagtccag 960
agaaaaagaa gaaaaagaaa aaaaagagag agaacgagga ttaacagaaa ggaattacga1020
ttatatcacc cggacacaca tcatgcttaa gattcaactg ggagcatacc agggatgctc1080
tctaacgtaa tcaagggaag gttcagtaag acaaagtgat ttatcatcta taacttcaaa1140
cctatttgtc ttgacatcaa ctctgttaac cttatgtcat catctcttag agtctttgat1200
atacaaataa aattttcttt gtatttttaa acaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1260
aa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1281 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1262 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

aatttggtga agagtgttc tccctcatcc tctgcaaaca ttccataggg gataggaaga 60
actatgcctc tgccaagctt tctgagttgc tgccagaaga agttgaagca gaagtgaag 120
25 cagctgcaga gatataaatg ggaacagagg ttccagaaga agatatttgc aatattctgc 180
atctttgcac ccaggtgatt gaaatctctg aatatcgaac ccagctctat gaatatctac 240
aaaatcgaat gatggccatt gcacccaatg ttacagtcac ggttggggaa ttagttggag 300
cacggcttat tgctcatgca ggttctcttt taaatttggc caagcatgca gcttctaccg 360
ttcagattct tggagctgaa aaggcacttt tcagagccct caaatctaga cgggataccc 420
30 ctaagtattg tctcatttat catgcttcac tcgtgggcca gacaagtccc aaacacaaag 480
gaaagatttc tcgaatgctg gcagccaaaa ccgttttggc tatccgttat gatgcttttg 540
gtgaggattc aagtctctgca atgggagttg agaacagagc caaattagag gccaggttga 600
gaactttgga agacagaggg ataagaaaaa taagtggaaac aggaaaagca ttagcaaaaa 660
cagaaaaata tgaacacaaa agtgaagtga agacttacga tccttctggt gactccacac 720
35 ttccaacctg ttctaaaaaa cgcaaaatag aacaggtaga taaagaggat gaaattactg 780
aaaagaaagc caaaaaagcc aagattaaag ttaaagttga agaagaggaa gaagaaaaag 840
tggcagaaga agaagaaaca tctgtgaaga agaagaagaa aaggggtaaa aagaaacaca 900
ttaaggaaga accactttct gaggaagaac catgtaccag cacagcaatt gctagtccag 960
agaaaaagaa gaaaaagaaa aaaaagagag agaacgagga ttaacagaaa ggaattacga 1020
40 ttatatcacc cggacacaca tcatgcttaa gattcaactg ggagcatacc agggatgctc 1080
tctaacgtaa tcaagggaag gttcagtaag acaaagtgat ttatcatcta taacttcaaa 1140
cctatttgtc ttgacatcaa ctctgttaac cttatgtcat catttcttag agtctttgat 1200
atacaataaa aattttcttt gtatttttaa acaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1260
aa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1281 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

15  ggcggaagta gccgcaggca tggcggcggc tatgccgctg ttgctctgct cgtcctgttg 60
    ctctggggc ccggcggtg gtgccttgca gaacccccac gcgacagcct gcgggaggaa 120
    cttgtcatca ccccgctgcc ttccggggac gtagccgcca cattccagtt ccgcacgcgc 180
    tgggattcgg agcttcagcg ggaaggagtg tccattaca ggctctttcc caaagccctg 240
    gggcagctga tctccaagta ttctctacgg gagctgcacc tgtcattcac acaaggcttt 300
20  tggaggaccc gatactgggg gccacccttc ctgcaggccc catcagggtc agagctgtgg 360
    gtctggttcc aagacactgt cactgatgtg gataaatctt ggaaggagct cagtaatgtc 420
    ctctcaggga tcttctgcgc ctctctcaac ttcctcgact ccaccaacac agtcactccc 480
    actgcctcct tcaaaccctt gggctctggc aatgacactg accactactt tctgcgctat 540
    gctgtgctgc cgcgggaggt ggtctgcacc gaaaacctca cccctggaa gaagctcttg 600
25  cctgtagtt ccaaggcagg cctctctgtg ctgctgaagg cagatcgctt gttccacacc 660
    agctaccact cccaggcagt gcatatccgc cctgtttgca gaaatgcacg ctgtactagc 720
    atctcctggg agctgaggca gacctgtca gttgtatttg atgccttcat cacggggcag 780
    ggaaagaaag actggctcct ctccggatg ttctccgaa cctcacgga gccctgcccc 840
    ctggcttcag agagccgagt ctatgtggac atcaccacct acaaccagga caacgagaca 900
30  ttagagggtc accaccccc gaccactaca tatcaggacg tcatcctagg cactcggaag 960
    acctatgcca tctatgactt gcttgacacc gccatgatca acaactctcg aaacctcaac1020
    atccagctca agtgaagag accccagag aatgaggccc cccagtgcc ctctctgcat1080
    gccagcggg acgtgagtg ctatgggctg cagaagggg agctgagcac actgctgtac1140
    aacaccacc cataccggg cttcccggtg ctgctgctgg acaccgtacc ctggtatctg1200
35  cggtgttac atccactacc agcctgcccc ggaccggctg caaccacc tctggagat1260
    gctgattcag ctgccgcca a
                                     1281
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

15  ggcggaagta ggcgcaggca tggcggcggc tatgccgctg ttgctctgct cgtcctgttg 60
    ctctctggggc cggcgcgctg gtgccttgca gaacccccac gcgacagcct gcgggaggaa 120
    cttgtcatca ccccgctgcc ttccggggac gtagccgcca cattccagtt ccgcacgcgc 180
    tgggattcgg agcttcagcg ggaaggagtg tcccattaca ggctctttcc caaagccctg 240
    gggcagctga tctccaagta ttctctacgg gagctgcacc tgtcattcac acaaggcttt 300
20  tggaggaccc gatactgggg gccacccttc ctgcaggccc catcagggtg agagctgtgg 360
    gtctggttcc aagacactgt cactgatgtg gataaatctt ggaaggagct cagtaatgtc 420
    ctctcaggga tcttctgcgc ctctctcaac ttcatcgact ccaccaacac agtcactccc 480
    actgcctcct tcaaaccctt gggctctggc aatgacactg accactactt tctgcgctat 540
    gctgtgctgc cgcgggaggt ggtctgcacc gaaaacctca cccctggaa gaagctcttg 600
25  cctgtagttt ccaaggcagg cctctctgtg ctgctgaagg cagatcgctt gttccacacc 660
    agctaccact ccaggcaggt gcatatccgc cctgtttgca gaaatgcacg ctgtactagc 720
    atctcctggg agctgaggca gacctgtca gttgtatttg atgccttcat cacggggcag 780
    ggaagaaag actggtccct cttccggatg ttctcccgaa ccttcacgga gccctgcccc 840
    ctggcttcag agagccgagt ctatgtggac atcaccacct acaaccagga caacgagaca 900
30  ttagaggtgc acccaccctt gaccactaca tatcaggacg tcctcctagg cactcggaag 960
    acctatgcca tctatgactt gcttgacacc gccatgatca acaactctcg aaacctcaac1020
    atccagctca agtggaagag acccccagag aatgaggccc ccccagtgcc cttcctgcat1080
    gccagcgggt acgtgagtgg ctatgggctg cagaaggggg agctgagcac actgctgtac1140
    aacacccacc cataccgggc cttcccgggt ctgctgctgg acaccgtacc ctggtatctg1200
35  cggtgtttac atccactacc agcctgcccc ggaccggctg caacccacc tcctggagat1260
    gctgattcag ctgccggcca a
    1281
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

gggccccaga aagagaccaa tgtgttgtgc gacgggtggg tggcagtggc agtggcagat 60
ggtaccaggc gccccagaac tctaaggggc ctcaagtagt ttaaaacctc ggaggctgcc120
tgacttgggg ccaagggttt ctatgctcag gcctgacccc tcatggatta gtttctgctg180
10 gaaaaacttt ttctgccctc ggccagggtct ctatctcctt ctgccttaac atattttgga240
aggttggttc ccagcagaga cggggccatg ggctcacact ctgacctctc ccacggcatt300
agccctgtct cagcctctgg gctgttaacg aagttaattc ctgcacaaga ctcacaacag360
ggctgtggag gaagcaaagg agcccttttt atgcctctgt agtaggactg agagaggccc420
tctggccagc gtgagcctgc tggttcttcc cggactgtac caggccttga ggcggggtat480
15 ggaaacgccc cactctgggg cctggccttg ggaaagggag gcggcagggg ttctttgggc540
ttctcgaggg tataatctga gctctctggg gaacgtgtgt ccattttagt gcagtagtcc600
gacacgtcgg gggactcaac tttaactctg gacaatctgt gtgtggtctg tttttagtaa660
attcatccac acaagagagt ggaggcatga acagggttg ccttcctcgg atctca 716

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1160 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

```

tttgttgttg gagaaaggag agaaaggaaa gcgcgagggg ccgccgccac caccagcgca 60
45 gagtcttgga gctgtgagga gattcggggc gtcaccctgc ctcccctgcg tcccgccacc 120
ggccgcttct tctctcgga ccatccaac aatctcgtaa aacatggtgg attactatga 180
agttctaggc gtgcagagac atgcctcacc cgaggatatt aaaaaggcat atcggaact 240
ggcactgaag tggcatccag ataaaaatcc tgagaataaa gaagaagcag agagaaaatt 300
caagcaagta gcggaggcat atgaagtgtc gtcggatgct aagaaacggg acatctatga 360
50 caaatatggc aaagaaggat taaatggtgg aggaggagg ggaagtcatt ttgacagtcc 420
atttgaattt ggcttcacat tccgtaaccc agatgatgtc ttcagggaat tttttggtgg 480
aagggaacca ttttcatttg acttctttga agaccctttt gaggacttct ttgggaatcg 540
aagggggtccc cgaggaagca gaagccgagg gacggggtcg ttttctctg cgttcagtgg 600
atttccgtct tttggaagtg gattttcttc ttttgataca ggatttactt catttgggtc 660
55 actaggtcac gggggcctca cttcattctc ttccacgtca tttggtggtg gtggcatggg 720
caacttcaaa tcgatatcaa cttcaactaa aatggttaat ggcagaaaaa tcactacaaa 780

```



(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

gggccccaga aagagaccaa tgtgttgtgc gacgggtggg tggcagtggc agtggcagat 60
ggtaccaggc gccccagaac tctaaggggc ctcaagtagt ttaaaacctc ggaggctgcc120
tgacttgggg ccaagggttt ctatgctcag gcctgacccc tcatggatta gtttctgctg180
10 gaaaaacttt ttctgccctc ggccagggtct ctatctcctt ctgccttaac atattttgga240
agggttggtc ccagcagaga cggggccatg ggctcacact ctgacctctc ccacggcatt300
agccctgtct cagcctctgg gctgttacgc aagttaattc ctgcacaaga ctcacaacag360
ggctgtggag gaagcaaagg agcccttttt atgcctctgt agtaggactg agagaggccc420
tctggccagc gtgagcctgc tggttcttcc cggactgtac caggccttga ggcggggtat480
15 ggaaacgccc cactctgggg cctggcttgg ggaaggagg ggcgcagggg ttctttgggc540
ttctcgaggg tataatctga gctctctggg gaacgtgtgt ccattttagt gcagtagtcc600
gacacgtcgg gggactcaac ttacactgg gacaatctgt gtgtggtctg tttttagtaa660
attcatccac acaagagagt ggaggcatga acagggtgg ccttcctcgg atctca 716

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1160 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
25 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

```

tttgttgttg gagaaaggag agaaaggaaa gcgcgagggg ccgccgccac caccagcgca 60
45 gattccttga gctgtgagga gattcggggc gtcacccctgc ctcccctgcg tcccgccacc 120
ggccgcttct gtcctcggac ccattccaac aatctcgtaa aacatggtgg attactatga 180
agttctaggc gtgcagagac atgcctcacc cgaggatatt aaaaaggcat atcgaaaact 240
ggcactgaag tggcatccag ataaaaatcc tgagaataaa gaagaagcag agagaaaatt 300
caagcaagta gcggaggcat atgaagtgtc gtcggatgct aagaaacggg acatctatga 360
50 caaatatggc aaagaaggat taaatggtgg aggaggagg ggaagtcatt ttgacagtcc 420
atttgaattt ggcttcacat tccgtaaccc agatgatgtc ttcagggaat tttttggtgg 480
aagggaacca ttttcatttg acttctttga agaccctttt gaggacttct ttgggaatcg 540
aagggttccc cgaggaagca gaagccgagg gacggggtcg ttttctctg cgttcagtgg 600
atttccgtct tttggaagtg gattttcttc ttttgataca ggatttactt catttgggtc 660
55 actaggtcac gggggcctca cttcattctc ttccacgtca tttggtggta gtggcatggg 720
caacttcaaa tcgatatcaa cttcaactaa aatggttaat ggcagaaaaa tcactacaaa 780

```

5 gagaattgtc gagaacggtc aagaaagagt agaagttgaa gaagatggcc agttaaagtc 840  
 cttacaata aatggtgtgg ccgacgacga tgccctcgct gaggagcgca tgcggagagg 900  
 ccagaacgcc ctgccagccc agcctgccgg cctccgcccg ccgaagccgc cccggcctgc 960  
 ctcgctgctg agacacgcgc ctcaactgtct ctctgaggag gagggcgagc aggaccgacc1020  
 tggggcaccg gggccctggg accccctcgg cgtccgcagc aggattgaaa gaaggtggca1080  
 agaggaagaa gcagaagcag agagaggagt ttgaaggagg aaggaagttg gaccaaaggc1140  
 attgattaga ccggattttt 1160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1040 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

35 agcatccgct tccggttccc agactgaatt gtcagtgagc ggagtctgag gtcgctgtgg 60  
 actgcccact gggccttgcc cgagatggac agccggattc cttatgatga ctaccggtg 120  
 gttttcttgc ctgcctatga gaatcctcca gcatggattc ctctcatga gagggtacac 180  
 caccgggact acaacaatga gttgaccagc tttctgcccc gaaccatcac actgaagaag 240  
 cctcctggag ctcaagtggg atttaacatc cgaggaggaa aggcctcca gctaggcatc 300  
 ttcatctcca aggtgattcc tgactctgat gcacatagag caggactgca ggaaggggac 360  
 caagttctag ctgtgaatga tgtggatttc caagatattg agcacagcaa ggctgttgag 420  
 atcctgaaga cagctcgtga aatcagcatg cgtgtgcgct tctttcccta caattatcat 480  
 cgccaaaaag agaggactgt gcaactagaaa gttgcagccc acagcccttc atgtggactc 540  
 tgtcatgaca tgctaactag acttcagggg agccacttct gttttcagcc cctccctgga 600  
 atagttagtt gggaggatgg ggagacagct aaccaactgc attacccttc ccatattgca 660  
 45 ctttttagtt cctagttttc taggtgagct tcattccctg aaaggaggat gatgatattc 720  
 aggcataacc tagcctgtga ggaacctagt taggaaagac aactgacatt tattgaatat 780  
 catgcactag tcccttacat atgtcatatt ttaattatag aaatcagtag caaaaagaat 840  
 cttggggatt ttccatctga cttccctggc catcttatcc catccttgca ctaccagaag 900  
 attcatacac ttttgagact ccagtgaagc gctgttttca ccccttcctc ctctagcct 960  
 50 ctctcccaaa aagtaaaaca caatgctgaa gaaaaaaaaa aaaaaaaa aaaaaggggg1020  
 gggccggccg gtgggtggtc 1040

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1336 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

gagaattgtc gagaacggtc aagaaagagt agaagttgaa gaagatggcc agttaaaagt 840  
 cttacaata aatggtgtgg ccgacgacga tgccctcgtc gaggagcgca tgcggagagg 900  
 ccagaacgcc ctgccagccc agcctgccgg cctccgcccg ccgaagccgc cccggcctgc 960  
 5 ctgctgtctg agacacgcgc ctactgtct ctctgaggag gagggcgagc aggaccgacc 1020  
 tggggcaccg gggccctggg accccctcgg cgtccgcagc aggattgaaa gaaggtggca 1080  
 agaggaagaa gcagaagcag agagaggagt ttgaaggagg aaggaagttg gaccaaaggc 1140  
 attgattaga ccggtttttt 1160

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1040 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

agcatccgct tccggttccc agactgaatt gtcagtgagc ggagtctgag gtcgctgtgg 60  
 actgccact gggccttgcc cgagatggac agccggattc cttatgatga ctaccgggtg 120  
 35 gttttcttgc ctgccatga gaatcctcca gcatggattc ctctcatga gagggtagac 180  
 caccgggact acaacaatga gttgaccagc tttctgcccc gaaccatcac actgaagaag 240  
 cctcctggag ctgagtggg atttaacatc cgaggaggaa aggcctcca gctaggcatc 300  
 ttcatctcca aggtgattcc tgactctgat gcacatagag caggactgca ggaaggggac 360  
 caagtcttag ctgtgaatga tgtggatttc caagatattg agcacagcaa ggctgttgag 420  
 40 atctgaaga cagctcgtga aatcagcatg cgtgtgcgct tctttcccta caattatcat 480  
 cgccaaaaag agaggactgt gactagaaa gttgcagccc acagcccttc atgtggactc 540  
 tgtcatgaca tgctaactag acttcagggg agccacttct gttttcagcc cctccctgga 600  
 atagtgaagt gggaggatgg ggagacagct aaccaactgc attacccaaa ccatattgca 660  
 cttttagttc ctagttttc taggtgagct tcattccctg aaaggaggat gatgatattc 720  
 45 aggcataacc tagcctgtga ggaacctagt taggaaagac aactgacatt tattgaatat 780  
 catgcactag tcccttacat atgtcatatt ttaattatag aaatcagtag caaaaagaat 840  
 cttggggatt ttccatctga cttccctggc catcttatcc catccttgca ctaccagaag 900  
 attcatacac ttttgagact ccagttagac gctgttttca ccccttctc ctctagcct 960  
 ctctccaaa aagtaaaaca caatgctgaa gaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaggggg 1020  
 50 gggccggccg gtgggtggtc 1040

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1336 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```

20 cgagggacag aacctggtgc aggaggagtt ggcgggccgc gggaccacgc ccccgcccat 60
   ccgcaacggc ctggacaaag ccgcgaggtc cgcttcgagc gagctgagca ggccctgcgc 120
   cggttcagcc agggcccccac acccgctgcc gctgtccccg agggcacggc agccgagggc 180
   gctcccaggc aggaaaactg tggtgcccag caggtccccc caggccgggc actagcacc 240
   ctcccagcag ccccgctgcgg acctgcgggc ccctgacgga tgaggacgtg gtcaggctgc 300
25 ggccctgtga gaagaagcgg ctggacatcc gtggcaaaact ttacctggcc cccctacca 360
   cgtgtgggaa cctgcccttc cgacggatct gcaagcgctt cggggcggat gtgacatgtg 420
   gagagatggc cgtctgcacc aacctgctgc agggccagat gtccgagtgg gccctactca 480
   aacgccacca gtgtgaggac atctttggcg tccagctgga gggcgccctc cccgacacca 540
   tgaccaagtg tgccgagctg ctgagccgca ccgtggaggt ggactttgtg gacatcaacg 600
30 tcggctgccc catcgacctc gtgtacaaga aggggtgggg ctgtgccctc atgaatcgct 660
   ccaccaagtt ccagcagatc gtccgtggca tgaaccaggt gctggatgtg ccgctgactg 720
   tgaagatccg cacaggcgtc caggagcgtg tgaacctggc gcaccgcctg ctgcccgagc 780
   tgccgggactg gggcgtggca ctcgtcacgg aaatggggac atcttgtcat ttgaggatgc 840
   caaccgcgcc atgcagactg gtgtcaccgg gatcatgatt gcccgtagcg cctgctcaa 900
35 gccgtggctc ttcacggaga tcaaggagca gcggcaactg gacatctcgt cgtccgagcg 960
   cctggacatc ctgcgggact tcaccaacta cggcctggag cactggggct cggacacgca1020
   gggcgtggag aagaccgggc gctttctgct cgagtggctg tccttcctgt gccggtacga1080
   tcccgtgggg ctgctggagc ggctcccaca gaggatcaac gagcgccgc cctactacct1140
   gggccgcgac tacctggaga cgctgatggc cagccagaag gcagccgact ggatccgcatt1200
40 cagcgagatg ctcttgggc cagtgcctcc cactcgcct tcttgccgaa gcacaaggcc1260
   aacgcgtaca agtagcctca ggctttccca ggggcaccct ggggcgagga gagtacaata1320
   aattttatcc ttttaa
                                     1336

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 812 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```

20 cgagggacag aacctggtgc aggaggagtt ggcggccgc gggaccagc ccccgccat 60
   ccgcaacggc ctggacaaaag ccgcgaggtc cgcttcgagc gagctgagca ggccctgcgc 120
   cggttcagcc agggcccccac acccgctgcc gctgtccccg agggcacggc agccgagggc 180
   gctcccaggc aggaaaactg tgggtcccag caggtccccg caggccgggc actagcacc 240
   ctcccagcag ccccgctgcg acctgcgggc cctgacgga tgaggacgtg gtcaggctgc 300
25 ggccctgtga gaagaagcgg ctggacatcc gtggcaaaact ttacctggcc cccctacca 360
   cgtgtgggaa cctgcccttc cgacggatct gcaagcgctt cggggcggtat gtgacatgtg 420
   gagagatggc cgtctgcacc aacctgctgc agggccagat gtccgagtgg gccctactca 480
   aacgccacca gtgtgaggac atctttggcg tccagctgga gggcgccctc cccgacacca 540
   tgaccaagtg tgccgagctg ctgagccgca ccgtggaggt ggactttgtg gacatcaacg 600
30 tcggctgccc catgcacctc gtgtacaaga aggtggggg ctgtgccctc atgaatcgct 660
   ccaccaagtt ccagcagatc gtccgtggca tgaaccaggt gctggatgtg ccgtgactg 720
   tgaagatccg cacaggcgtc caggagcgtg tgaacctggc gcaccgcctg ctgcccgagc 780
   tgccgggactg gggcgtggca ctgcacagg aaatggggac atcttgtcat ttgaggatgc 840
   caaccgcgcc atgcagactg gtgtcaccgg gatcatgatt gcccgaggcg cctgtctcaa 900
35 gccgtggctc ttcacggaga tcaaggagca gcggcactgg gacatctcgt cgtccgagcg 960
   cctggacatc ctgcgggact tcaccaacta cggcctggag cactggggct cggacacgca 1020
   gggcgtggag aagaccggc gctttctgct cgagtggctg tccttcctgt gccggtacga 1080
   tcccgtaggg ctgctggagc ggctcccaca gaggatcaac gagcgccgc cctactacct 1140
   gggccgcgac tacctggaga cgtgatggc cagccagaag gcagccgact ggatccgcat 1200
40 cagcgagatg ctcttgggc cagtgcctcc cactcgctt tcttgccgaa gcacaaggcc 1260
   aacgcgtaca agtagcctca ggctttccca ggggcaccct ggggcgagga gagtacaata 1320
   aattttattc ttttaa
                                     1336

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 812 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ggcagcccaa tgtctcctgc acgtgcaatg caaacgctct ttgttccaga gcatggagat 60  
cacggagctg gagtttggtc agatcatcat catcgtggtg gtcacgtgcc tgctgagcca120  
ctacaagctg tctgcacggt ccttcatcag ccggcacagc caggggcgga ggagagaaga180  
15 tgccctgtcc tcagaaggat gcctgtggcc tcggagacac agtgtcaggc aacggaatcc240  
cagagccgca gtcttacgcc ccgcctcggc ccaccgaccg cctggccgtg cgcccttcgc300  
ccagcggagc gttttccacc gttgccagcc caatgtctcc tgcacgtgca actgcaaacg360  
ctctttgttc cagagcatgg agatcacgga gctggagttt gtccagatca tcatcatcgt420  
ggtggtcacc tgctgtctga gccactacaa gctgtctgca cggctcctca tcagccggca480  
20 cagccagggg cggaggagag aagatgcctt gtcctcagaa ggatgcctgt ggccctcgga540  
gagcacagtg tcaggcaacg gaatcccaga gccgcaggtc tacgccccgc ctcgccccac600  
cgaccgcctg gccgtgccgc ccttcgccca ggggagcgc ttccaccgct tccagccac660  
ctatccgtac ctgcagcagc agatcgacct gccgcccacc atctcgctgt cagacgggga720  
ggagcccca ccctaccagg gccctggac cttcaaggtt cgggaccccg aggaggagtt780  
25 ggaaattgaa cggggattgg gtgcggagac cc 812

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 2681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

50 gatgcttggc atcatcatca tgatgacgct gtgtgaccag gtggatattt atgagtgcct 60  
cccatccaag cgcaagactg acgtgtgcta ctactaccag aagttcttcg atagtgcctg 120  
cacgatgggt gcctaccacc cgctgctcta tgagaagaat ttggtgaagc atctcaacca 180  
gggcacagat gaggacatct acctgcttgg aaaagccaca ctgcctggct tccggaccat 240  
55 tcactgctaa gcacaggctc ctactcttc tccatcaggc attaaatgaa tgggtctcttg 300

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ggcagcccaa tgtctcctgc acgtgcaatg caaacgctct ttgttccaga gcatggagat 60  
cacggagctg gagtttgttc agatcatcat catcgtggtg gtcacgtgcc tgctgagcca120  
ctacaagctg tctgcacggt ccttcacag ccggcacagc caggggcgga ggagagaaga180  
15 tgccctgtcc tcagaaggat gcctgtggcc tcggagacac agtgtcaggc aacggaatcc240  
cagagccgca gtcttacgcc ccgcctcggc ccaccgaccg cctggcctgt cgcccttcgc300  
ccagcggagc gttttccacc gttgccagcc caatgtctcc tgcaagtga actgcaaacg360  
ctctttgttc cagagcatgg agatcacgga gctggagttt gttcagatca tcatcatcgt420  
ggtggtcacg tgcctgctga gccactacaa gctgtctgca cggtccttca tcagccggca480  
20 cagccagggg cggaggagag aagatgccct gtccctcagaa ggatgcctgt ggccctcgga540  
gagcacagtg tcaggcaacg gaatcccaga gccgcaagtc tacgccccgc ctcgccccac600  
cgaccgcctg gccgtgccgc ccttcgcccc gcgggagcgc ttccaccgct tccagcccac660  
ctatccgtac ctgcagcacg agatcgacct gccgcccacc atctcgtgt cagacgggga720  
ggagcccccä ccctaccagg gccctggac cttcaagggt cgggaccccg aggaggagtt780  
25 ggaaattgaa cggggattgg gtgcggagac cc  
812

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

gatgcttggt atcatcatca tgatgacgct gtgtgaccag gtggatatatt atgagtgcct 60  
cccatccaag cgcaagactg acgtgtgcta ctactaccag aagttcttcg atagtgcctg 120  
cacgatgggt gcctaccacc cgctgctcta tgagaagaat ttggtgaagc atctcaacca 180  
gggcacagat gaggacatct acctgcttgg aaaagccaca ctgcctggct tccggaccat 240  
55 tcaactgctaa gcacaggctc ctcaactcttc tccatcaggc attaaatgaa tggctctctt 300

```

gccacccag cctgggaaga acattttcct gaacaattcc agcctgctcc ttttactcta 360
ggggcctctg tcagcaagac catggggact tcaagagcct gtggtcagga aatcagggtcc 420
agccttccct gtagccagac agtttatgag cccagagcct cctgccacac acatgcacac 480
atatctagca ttctttccag acagcatcct cccgccttc caccttggtg gatgcaagggt 540
5 ctatctctcc catcagggct gccaaagctg ggctttgttt ttcccagcag aatgatgcca 600
ttctcacaaa ccaatgctct atattgcttg aagtctgcat ctaaaatttg atttcacggt 660
ttaaagaaat tctcttaa atacaattgtg cccaatgcag ggtggctctg gggggcaagt 720
aggtgggtaca ggggattgga aacatgctcc gcgcctccag agaaaagtgt ctcccagggt 780
ccatgccccct ggaacgtgtt cctatcactc tggctgggtg ggctggctct tagactgggt 840
10 gcttatgatt aaagggtctt ggtagccca ctttccctct ccatgtggag atggaaggta 900
gagaaggata cagtgtctat cctcaagttg ctacggttca gtgagagagg cagacatctg 960
aacaggcagg taggattcag tgtgtcctag gcaactggga tttggagaga gatgggcttg1020
ctctctctgt gcacccagga gggccacgca cttaaaactg tgtttgtgga tcagagaagg1080
ctttatagca cagggggcat tcagatgagt cttagaggaa gagaagaaac atggcaagc1140
15 gattacatct gagcgtttg aattgtgttt ttctttcttc ccatgtttat tttctaagat1200
ctacctgaac ttagagactc aagatatttt tttaggaaac ctccaccaca tgtctgaggt1260
agcaagtgca gcctcacgac agataccagg caatccagag ccacaaaacg tgattcctcc1320
aggctctgcc tggcctgacc ctgtcctgtc agctgggttt acataccagt cccattcttc1380
cttttcaata aataccccc aatcttctcc taaccacat taaagcattt tttgcttta1440
20 aagcctcctg accccaattt ctttgagctc acgggccttt tgctgaagggt ctctcagggt1500
gtagtgggtg ggctctctgg acttaacgtc actctcagag gtcagaacct tggagatcag1560
aactgattct caccagggtg gagagggtgt gtagcagatt gcaatgctct gcacctcttc1620
cttgcaagtg agcaacttca ggctctctgg gcagaggctg gccactgtg gtttgacagac1680
atgctctcca gatggtttta ctaagtcccc tctcctgat agggaaacct gctggaccag1740
25 cgcagcctgg gtgtggagag gttaaaagac ttgcacagga tcaccaagtc atgctgtaga1800
gccaggattc ctgacccag ggctctgcac tctcaaggct ggccccatgt gctcaagggg1860
atctaattgt tgggctccaa actaaccatc tcggagctgg gctcctcatt tactgccaaa1920
cctcagctt atgtagctag aaagggccct ggagtggaga agcctggatt ttcaaattga1980
tgctccccta ctgactagct gtgccactct gggcaaatgc tcttcttga gcctgtttcc2040
30 acacctgtaa agtggggatg atgacctat ctactgctt ttgtgaggat tacaggaaag2100
cacctgtcct ggctctgtac ctggcacgta gtagggtgctc agttcatgct ggtttccttc2160
ctgcctttag tagggacctg ctctgtgctc acacctcggc tgcattgcacc ctgctgtgac2220
ggaggctagt gtggaagagg tctgtcctc agggaattaa ctgtcttatt gggagacaac2280
aactgtcctc cttggaacac ccaagaaacc atgcaaagca gtggacaaca cagaacacgc2340
35 cctcctcctc gctgcctgca gctccaatct gattctgctt ggggaatgggc ggagcacgtg2400
ggctgcttaa ctgctgtata ggacaagccc cttacccctc tctggggcca tgaattcctg2460
gcttggttta tgttctgatt tgacacactg attttaatct tcgaatcatg aactgagtg2520
cagaggagggt ggcattccga cagcaggaca tacatgttgg tgtgaagact gggacgacac2580
tggttagaat ctagttttta attattatta atataaagga tcaaattaat ttaaatatga2640
40 atccgaagtc cacagaactt taagtgtgtg gccggccatg t
2681

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1407 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH



```

gccacccag cctgggaaga acattttcct gaacaattcc agcctgctcc ttttactcta 360
ggggcctctg tcagcaagac catggggact tcaagagcct gtgggcagga aatcagggtcc 420
agccttccct gtagccagac agtttatgag cccagagcct cctgccacac acatgcacac 480
atatctagca ttctttccag acagcatcct ccccgcttc caccttggtg gatgcaaggt 540
5 ctatctctcc catcagggct gccaaagctg ggctttggtt ttcccagcag aatgatgcc 600
ttctcacaaa ccaatgctct atattgcttg aagtctgcat ctaaattattg atttcacgtt 660
ttaaagaaat tctcttaa atacaattgtg cccaatgcag ggtggctctg gggggcaagt 720
aggtggtaca ggggattgga aacatgctcc gcgcctccag agaaaagttg ctcccaggt 780
ccatgcccct ggaacgtgtt cctatcactc tggctgggtg ggctggctct tagactgggt 840
10 gcttatgatt aaagggtctt ggtagccca ctttccctct ccatgtggag atggaaggta 900
gagaaggata cagtgtctat cctcaagttg ctacgggtca gtgagagagg cagacatctg 960
aacaggcagg taggattcag tgtgctcagt gcactgggga ttggagaga gatgggcttg1020
ctctctctgt gcacccagga gggccacgca cttaaaactg tgtttgtgga tcagagaagg1080
ctttatagca cagggggcat tcagatgagt cttagaggaa gagaagaaac atggcaagca1140
15 gattacatct gagcgtttg aattgtgttt ttctttcttc ccatgtttat tttctaagat1200
ctacctgaac tttagactc aagatatttt tttaggaaac ctctaccga tgtctgaggt1260
agcaagtgca gcctcacgac agataccagg caatccagag ccacaaaacg tgattcctcc1320
aggctctgcc tggcctgacc ctgtcctgtc agctgggtt acataccagt cccattcttc1380
cttttcaata aatacccca aatcttctcc taaccacat taaagcattt tttgcttta1440
20 aagcatcctg accccaattt ctttgagctc acgggccttt tgcgaagggt ctctcaggg1500
gtagtgggtg ggctctctgg acttaacgtc actctcagag gtcagaacct tggagatcag1560
aactgattct caccaggtgt gagaggtgtg gtagcagatt gcaatgctct gcacctcttc1620
cttgcaagtg agcaacttca ggctctctgg gcagaggctg gccactgta gtttgacag1680
atgctctcca gatggtttta ctaagtccc tctcctgat agggaaacct gctggaccag1740
25 cgagcctgg gtgtggagag gttaaaagac ttgcacagga tcaccaagtc atgctgtaga1800
gccaggattc ctgacccag ggctctgcac tctcaaggct ggccccatgt gctcaagggg1860
atctaattgt tgggctccaa actaaccatc tcggagctgg gctcctcatt tactgccaa1920
cctcagctt atgtagctag aaaggccct ggagtggaa agcctggatt ttcaaattga1980
tgctccccta ctgactagct gtgccactct gggcaaatgc tcttcttga gcctgtttcc2040
30 acacctgtaa agtggggatg atgacctat ctactgctt ttgtgaggat tacaggaaag2100
cacctgtcct ggctctgtac ctggcacgta gtaggtgctc agttcatgct ggtttccttc2160
ctgcctttag tagggacctg ctctgtgctc acacctcggc tgcattgacc ctgctgtgac2220
ggaggctagt gtggaagagg tcctgtcctc agggaaattaa ctgtcttatt gggagacaac2280
aactgtcctc cttggaacac ccaagaaacc atgcaaagca gtggacaaca cagaacacgc2340
35 cctcctctc gctgctgca gctccaatct gattctgctt ggggaatggg ggagcacgtg2400
ggctgcttaa ctgctgtata ggacaagccc cttaccctc tctgggcca tgaattcctg2460
gcttggttta tgttctgatt tgacacactg attttaatct tcgaatcatg aactgagtg2520
cagaggaggt ggcattccga cagcaggaca tacatgttgg tgtgaagact gggacgacac2580
tggttagaat ctagttttta attattatta atataaagga tcaaattaat ttaaatatga2640
40 atccgaagtc cacagaactt taagtgtgtt gccggccatg t
2681

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1407 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cttgggacgg aagcctagct ggggtggggg cgccgggctg gagccttcgc aggggagcgg 60
gctcagtcac caccctgcgc cccagagtga ctcagccccc acgtccccc ccatccccgg 120
10 ggagccaggg ccgcagaggg aggtagataa gtgggggtggc agcctgggtc ggccagagag 180
ttcaggccac cccggccgga cgctgccac ttgctgtcac tgtgccgctg tcatggcacg 240
ctccgggagt gccacgccac ctgccgggc tccgggagcc cctccacgga gcccaccca 300
gaggctggtg caggatgtca gtggggccct gagggagctg cgccctcggc tctgccacct 360
gcgaaagggg cctcagggtc atgggttcaa cctgcatagt gacaagtccc ggcccggcca 420
15 gtacatccgc tctgtggacc cgggtcacc tgccggccgc tctggcctcc gcgccagga 480
ccggctcatt gaggtgaacg ggcagaatgt ggagggactg cgccatgctg aggtggtggc 540
cagcatcaag gcacgggagg acgaggcccg gctgctggtc gtggaccccg agacagatga 600
acacttcaag cggttcggg tcacaccac cgaggagcac gtggaaggtc ctctgcgctc 660
acccgtcacc aatggaacca gccctgcccc gctcaatggt ggctctgctg gctcgtcccg 720
20 aagtgcctg cctggttccg acaaggacac tgaggatggc agtgccctgga agcaagatcc 780
cttcaggag agcggcctcc acctgagccc caccggcgcc gaggccaagg agaaggctcg 840
agccatgcga gtcaacaagc gcgcgccaca gatggactgg aacaggaagc gtgaaatctt 900
cagcaacttc tgagccctt cctgctgtc tcgggacctt gggaccctc ccgcacggac 960
cttgggcctc agcctgcccc gagctcccc agcctcagtg gactggaggg tggctcctgcc1020
25 attgcccaga aatcagcccc agccccgtg agcccccac ctgcccctgc ccaccaggta1080
ctgggggctt gtggcagcaa gataggggga gagagaccca gagatgtgag agagagtcag1140
agacagagac agagagagag agagagagac acagagagag acagagagag agcgagcgag1200
cgcgcggcag ccgcggggcg agggcctttg ctgctctgcc ggggcctgct gactgaaagg1260
aatttgtgtt tttgctttt ttccaaaaag atctccagct ccacacatgt ttccacttaa1320
30 taccagagac ccccccgtc aaagccccc tccccggccc cttgggacgc gctctaaata1380
attgcaataa aacaaacctt tctctgc
1407

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

cttgggacgg aagcctagct gggtgggggg cgccgggctg gagccttcgc aggggagcgg 60  
 gctcagtcac caccctgcgc cccagagtga ctcagccccc acgtcccccac ccatccccgg 120  
 10 ggagccaggg ccgcagaggg aggtagataa gtgggggtggc agcctgggtc ggccagagag 180  
 ttcaggccac ccgcccggga cgctgccac ttgtgtcac tgtgccgctg tcatggcacg 240  
 ctccgggagt gccacgccac ctgccgggc tccgggagcc cctccacgga gccaccccca 300  
 gaggtgtgta caggatgtca gtggggccct gagggagctg cgccctcggc tctgccacct 360  
 gcgaaaggga cctcagggtc atgggttcaa cctgcatagt gacaagtccc ggcccggcca 420  
 15 gtacatccgc tctgtggacc cgggctcacc tgcgcccgc tctggcctcc gcgccaggga 480  
 ccggctcatt gaggtgaacg ggcagaatgt ggagggactg cgccatgctg aggtggtggc 540  
 cagcatcaag gcacgggagg acgaggcccc gctgctggtc gtggaccccg agacagatga 600  
 acacttcaag cggcttcggg tcacaccac cgaggagcac gtggaaggtc ctctgccgtc 660  
 acccgtcacc aatggaacca gccctgcccc gctcaatggt ggctctgcgt gctcgtcccg 720  
 20 aagtgcactg cctggttccg acaaggacac tgaggatggc agtgcctgga agcaagatcc 780  
 cttccaggag agcggcctcc acctgagccc caccggcgcc gaggccaagg agaaggctcg 840  
 agccatgcga gtcaacaagc gcgcgccaca gatggactgg aadaggaagc gtgaaatctt 900  
 cagcaacttc tgagccctt cctgcctgtc tcgggaccct gggaccctc ccgcacggac 960  
 25 cttgggcctc agcctgcccc gagctcccc agcctcagt gactggaggg tggctcctgcc1020  
 attgcccaga aatcagcccc agccccgtg agccccatc ctgcccctgc ccaccaggta1080  
 ctgggggctt gtggcagcaa gataggggga gagagacca gagatgtgag agagagtcag1140  
 agacagagac agagagagag agagagagac acagagagag acagagagag agcgagcgag1200  
 cgcgcgccag ccgcccggcg agggcctttg ctgctctgcc ggggcctgct gactgaaagg1260  
 aatttgtgtt tttgttttt ttccaaaaag atctccagct ccacacatgt ttccacttaa1320  
 30 taccagagac cccccccgtc aaagccccc tccccggccc cttgggacgc gctctaaata1380  
 attgcaataa aacaaacctt tctctgc 1407

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

## 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

5 cgaagaagcc ccgccccgtc ccgcttagac aatgccccgg agccgccaga ccgtcgcgcc 60  
 cctgccccat cgtagtatat gagctcgccct acacaaggac ccccgctaaa agccagagct 120  
 cccagtcctc gaggtctgaa gacggggact cccttctcca ccaactctgt cctcgggggg 180  
 tggggcccca gccgagatca cagcgcgaca ggagtggggg tggccgctgg agacaggtga 240  
 agaaacaaga aaactaagaa atccgagcgg ttggaggggg agtctgtgtg gatgggatgg 300  
 ggacgcgggg ggaggggctg ggccgctgct cccatgccct gatccgggga gtcccagaga 360  
 gcctggcgctc gggggaaggt gcgggggctg gccttcccgc tctggatctg gccaaagctc 420  
 aaagggagca cggggtgctg ggaggtaaac tgaggcaacg actggggcta cagctgctag 480  
 aactgccacc tgaggagtca ttgccgctgg gaccgctgct tggcgacaac gccgtgatcc 540  
 10 aaggggacac ggccctaata acgcggccct ggagccccgc tcgtaggcca gaggtcgatg 600  
 gagtccgcaa agccctgcaa gacctggggc tccgaattgt ggaaatagga gacgagaacg 660  
 cgacgctgga tggcactgac gttctcttca ccggccggga gttttctgta ggctctctca 720  
 aatggaccaa tcaccgagga gctgagatcg tggcggacac gttccgggac ttcccgctct 780  
 ccactgtgcc agtctcgggt ccctcccacc tgcgcggtct ctgcggcatg gggggacctc 840  
 15 gcactgttgt ggcaggcagc agcgacgctg cccaaaaggc tgtccgggca atggcagtgc 900  
 tgacagatca cccatatgcc tccctgaccc tccagatga cgcagctgct gactgtctct 960  
 ttcttctgctc tgggttgctt ggtgtgccc ctttctctct gcaccgtgga ggtggggatc1020  
 tgcccaacag ccaggaggca ctgcagaagc tctctgatgt caccctggta cctgtgtcct1080  
 gctcagaact ggagaaggct ggcgcggggc tcagctccct ctgcttgggt ctcagcacac1140  
 20 gccccacag ctgagggcct ggccttgggg tactgtctggc caggggtagg atagtatagg1200  
 aagtagaagg ggaaggaggg ttagatagag aatgctgaat aggcagtagt tgggagagag1260  
 cctcaatatt gggggagggg agagtgtagg gaaaaggatc cactgggtga atcctccctc1320  
 tcagaaccaa taaaatagaa ttgacctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agttct 1376

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 854 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

50 acgtatagtc gggctcggtg gtggagtagc tcagagtagg gggagcgccg taattgacac 60  
 atctcttatt tgagaagtgt ctgttgccct cattaggttt aattacaaaa ttgatcacg120  
 atcatattgt agtctctcaa agtgctctag aaattgtcag tggtttacat gaagtggcca180  
 tgggtgtctg gacaccctg aaactgtatc aaagtgtgac atatttccaa acatttttaa240  
 aatgaaaagg cactctcgtg ttctctcacc tctgtgcact ttgctgttgg tgtgacaagg300  
 55 catttaaaga tgtttctggc attttctttt tatttgtaag gtgggtggtaa ctatggttat360  
 tggctagaaa tcctgagttt tcaactgtat atatctatag ttgtgaaaaa gaacaaaaca420  
 accgagacaa acccttgatg ctcttctgctc ggcgttgagg ctgtggggaa gatgcctttt480  
 gggagaggct gtagctcagg gcgtgcactg tgaggctgga cctgttgact ctgcaggggg540

```

cgaagaagcc ccgccccgtc ccgcttagac aatgccccgg agccgccaga ccgtcgcgcc 60
cctgccccat cgtagtatat gagctcgctt acacaaggac ccccgctaaa agccagagct 120
cccagtcccc gaggcttgaa gacggggact cccttctcca ccaactctgt cctcgggggg 180
tggggcccca gccgagatca cagcgcgaca ggagtggggg tggccgctgg agacaggtga 240
5 agaaacaaga aaactaagaa atccgagcgg ttggaggggg agtctgtgtg gatgggatgg 300
ggacgcgggg ggaggggctg ggccgctgct cccatgccct gatecgggga gtcccagaga 360
gcctggcgctc gggggaaggt gcgggggctg gccttcccgc tctggatctg gccaaagctc 420
aaagggagca cggggtgctg ggaggtaaac tgaggcaacg actggggcta cagctgctag 480
aactgccacc tgaggagtca ttgccgctgg gaccgctgct tggcgacacg gccgtgatcc 540
10 aaggggacac gccctaatac acgcggccct ggagccccgc tcgtaggcca gaggtcgatg 600
gagtcgcgaa agccctgcaa gacctggggc tccgaattgt ggaaatagga gacgagaacg 660
cgacgctgga tggcactgac gttctcttca ccggccggga gtttttcgta ggccctctcca 720
aatggaccaa tcaccgagga gctgagatcg tggcgagacac gttccgggac ttcgccgtct 780
ccactgtgcc agtctcgggg ccctcccacc tgcgcggtct ctgcggcatg gggggacctc 840
15 gcactgttgt ggcaggcagc agcgacgctg cccaaaaggc tgtccgggca atggcagtcg 900
tgacagatca cccatatgcc tccctgaccc tcccagatga cgcagctgct gactgtctct 960
ttcttcgtcc tgggttgctt ggtgtgcccc ctttctctct gcaccgtgga ggtggggatc 1020
tgcccaacag ccaggaggca ctgcagaagc tctctgatgt caccctggta cctgtgtcct 1080
gctcagaact ggagaaggct ggccgggggc tcagctccct ctgcttggtg ctcagcacac 1140
20 gccccacag ctgagggcct ggccctgggg tactgctggc caggggtagg atagtatagg 1200
aagtgaagg ggaaggaggg ttagatagag aatgctgaat aggcagtagt tgggagagag 1260
cctcaatatt gggggagggg agagtgtagg gaaaaggatc cactgggtga atcctccctc 1320
tcagaaccaa taaaatagaa ttgacctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agttct 1376

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 854 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

acgtatagtc gggtcggctg gtggagtagc tcagagtagg gggagcgccg taattgacac 60
50 atctcttatt tgagaagtgt ctgttgccct cattaggttt aattacaaaa tttgatcacg 120
atcatattgt agtctctcaa agtgctctag aaattgtcag tggtttacat gaagtggcca 180
tgggtgtctg gagcaccctg aaactgtatc aaagtgtgac atatttccaa acatttttaa 240
aatgaaaagg cactctcgtg ttctcctcac tctgtgcact ttgctgttggt tgtgacaagg 300
catttaaaga tgtttctggc attttctttt tatttgtaag gtggtggtaa ctatgttat 360
55 tggctagaaa tcctgagttt tcaactgtat atatctatag tttgtaaaaa gaacaaaaca 420
accgagacaa acccttgatg ctccctgctc ggcgttgagg ctgtggggaa gatgcctttt 480
gggagaggct gtagctcagg gcgtgcactg tgaggctgga cctgttgact ctgcaggggg 540

```

catccattta gcttcagggt gtcttgtttc tgtatatagt gacatagcat tctgctgcca600  
 tcttagctgt ggacaaaggg gggtcagctg gcatgagaat attttttttt ttaagtgcgg660  
 tagtttttaa actgtttgtt tttaaacaaa ctatagaact cttcattgtc agcaaagcaa720  
 5 agagtcaact catcaatgaa agttcaagaa cctcctgtac ttaaacacga ttcgcaacgt780  
 tctgttattt tttttgtatg tttagaatgc tgaaatgttt ttgaagttaa ataaacagta840  
 ttacattttt aaaa 854

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

## 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

ttcagctttt gccgaaatgg gtagtgatca cacacagtca tctgcaagca aaatctcaca 60  
 agatgtggac aaagaggatg agtttggtta cagctggaaa aatatcagag agcgttatgg 120  
 35 aaccctaaca ggcgagctgc atatgattga actggagaaa ggatcatagtg gtttgggcct 180  
 aagtcttgct gggaacaaag accgatccag gatgagtgtc ttcatagtgg ggattgatcc 240  
 aaatggagct gcaggaaaag atgggtcgatt gcaaattgca gatgagcttc tagagatcaa 300  
 tgggtcagatt ttatatggaa gaagtcacat gaatgcctca tcaatcatta aatgtgcccc 360  
 ttctaaagtg aaaataattt ttatcagaaa taaagatgca gtgaatcaga tggccgtatg 420  
 40 tcctggaaat gcagtagaac ctttgccttc taactcagaa aatcttcaaa ataaggagac 480  
 agagccaact gttactactt ctgatgcagc tgtggacctc agttcattta aaaatgtgca 540  
 acattctgga gcttcccaag gaggcagggg ggtttgggta ttgctatcag cgaagaagat 600  
 acactcagtg gagtcacat aaagagctta acagagcatg gggtagcagc cacgatgga 660  
 cgactcaaag tcggagatca gatactggct gtagatgatg aaattgttgt tggttaccct 720  
 attgaaaagt ttattagcct tctgaagaca gcaaagatga cagtaaaact taccatccat 780  
 45 gctgagaatc cagattccca ggctgttcc tccagcagctg gtgcagccag tggagaaaaa 840  
 aagaacagct cccagtctct gatggctcca cagtctggct cccagaaacc ggagtccatc 900  
 cgaaatacaa gcagatcatc aacaccagca atttttgctt ctgatcctgc aacctgcccc 960  
 attatccctg gctgcgaaac aaccatcgag gtttccaaa ggccgaacagg gctgggcctg1020  
 agcatcggtt ggggttcaga cacgctgctg ggtgccatta ttatccatga agtttatgaa1080  
 50 gaaggagcag catgtaaaga tgaagactc tgggctggag atcagatctt agaggtgaat1140  
 ggaattgact tgagaaaggc cacacatgat gaagcaatca atgtcctgag acagacgccal200  
 cagagagtgc gcctgacact ctacagagat gagggcccat acaaagagga ggaagtgtgt1260  
 gacaccctca ctattgagct gcagaagaag ccgggaaaag gcctaggatt aagtattgtt1320  
 55 ggtaaaagaa acgatactgg agtatttgtt tcagacattg tcaaaggagg aattgcagat1380  
 gccgatggaa gactgatgca gggagaccag atattaatgg tgaatgggga agacgttcgt1440  
 aatgccaccc aagaagcggg tggcgtttgg ataaaagtgt ttccctaggg cacagttaac1500  
 cttgggaagt tgggaaggat tcaaagctgg gtcccgttcc gtttcaggag gagggagggc1560

catccattta gcttcaggtt gtcttgtttc tgtatatagt gacatagcat tctgctgcca600  
 tcttagctgt ggacaaaggg gggtcagctg gcatgagaat attttttttt ttaagtgcgg660  
 tagtttttaa actgtttgtt tttaaacaaa ctatagaact cttcattgtc agcaaagcaa720  
 agagtcactg catcaatgaa agttcaagaa cctcctgtac ttaaacacga ttcgcaacgt780  
 5 tctgttattt tttttgtatg tttagaatgc tgaaatgttt ttgaagttaa ataaacagta840  
 ttacattttt aaaa 854

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

## 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

ttcagctttt gccgaaatgg gtagtgatca cacacagtca tctgcaagca aaatctcaca 60  
 agatgtggac aaagaggatg agtttggtta cagctggaaa aatatcagag agcgttatgg 120  
 35 aaccctaaca ggagagctgc atatgattga actggagaaa ggtcatagtg gtttgggcct 180  
 aagtcttgct gggaacaaag accgatccag gatgagtgtc ttcatagtgg ggattgatcc 240  
 aaatggagct gcaggaaaag atgggtcgatt gcaaattgca gatgagcttc tagagatcaa 300  
 tgggtcagatt ttatatggaa gaagtcacat gaatgcctca tcaatcatta aatgtgcccc 360  
 ttctaaagtg aaaataattt ttatcagaaa taaagatgca gtgaatcaga tggccgtatg 420  
 40 tcctggaaat gcagtagaac ctttgccctc taactcagaa aatcttcaaa ataaggagac 480  
 agagccaact gttactactt ctgatgcagc tgtggacctc agttcattta aaaatgtgca 540  
 acattctgga gcttcccaag gaggcagggg ggtttgggta ttgctatcag cgaagaagat 600  
 acactcagtg gagtcacat aaagagctta acagagcatg gggtagcagc cacggatgga 660  
 cgactcaaag tcggagatca gatactggct gtagatgatg aaattgttgt tggttaccct 720  
 attgaaaagt ttattagcct tctgaagaca gcaaagatga cagtaaaaact taccatccat 780  
 45 gctgagaatc cagattccca ggctgttccct tcagcagctg gtgcagccag tggagaaaaa 840  
 aagaacagct cccagtctct gatgggtccca cagtctggct cccagaaacc ggagtccatc 900  
 cgaaatacaa gcagatcatc aacaccagca atttttgctt ctgatcctgc aacctgcccc 960  
 attatccctg gctgcgaaac aaccatcgag atttccaaag ggcaacagg gctgggcctg1020  
 50 agcatcggtg ggggttcaga cacgctgctg ggtgccatta ttatccatga agtttatgaa1080  
 gaaggagcag catgtaaaga tgaagactc tgggctggag atcagatctt agaggtgaat1140  
 ggaattgact tgagaaaggc cacacatgat gaagcaatca atgtcctgag acagacgccal1200  
 cagagagtgc gcctgacact ctacagagat gagggcccat acaaagagga ggaagtgtgt1260  
 gacacccctca ctattgagct gcagaagaag ccgggaaaag gcctaggatt aagtattgtt1320  
 55 ggtaaaagaa acgatactgg agtatttggt tcagacattg tcaaaggagg aattgcagat1380  
 gccgatggaa gactgatgca gggagaccag atattaatgg tgaatgggga agacgttcgt1440  
 aatgccaccc aagaagcggg tgcctgttgg ataaaagtgt ttccctaggg cacagttaac1500  
 cttgggaagt tgggaaggat tcaaagctgg gtcccgttcc gtttcaggag gagggagggc1560

cgtttttcaa aggcagccca ggggtgagtt tgaaggggca gcctctttcg tcttttttca1620  
 cgtttttccc acttttttgg ggatccccgt ttacattttg agttccactt ggggaagtta1680  
 g 1681

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 852 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 10 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

30 ggcaattttcc gttaggtgct gaaggctgtg ggcgcgggct gtccccattc ccacgtgaag 60  
 cgctacgcta gcatcgctcg gctggcggct cccagctcgc cgcggagcag tcccggcagc120  
 agcgggggac cggaagtggc tcgcggaggc tcagaagcta gtcccggagc ccggcgtgtg180  
 ggcctcggga gcacggtgac ggcgccatgt ccctaattctg ctccatctct aacgaagtgc240  
 cggagcacc atgtgtatcc cctgtctcta atcatgttta tgagcggcgg ctcacgcaga300  
 agtacattgc ggagaatggt accgacccca tcaacaacca gcctctctcc gaggagcagc360  
 35 tcatcgacat caaagttgct cacccaatcc ggcccaagcc tccctcagcc accagcatcc420  
 cggccattct gaaagctttg caggatgagt gggatgcagt catgctgcac agcttcactc480  
 tgcgccagag ctgcagacaa cccgccaaaga gctgtcacac gctctgtacc agcacgatgc540  
 cgcctgccgt gtcattgccc gtctcaccaa ggaaactgtg aaggggatgg gcaggagggc600  
 ttgtgcagg tttgtgaagc agtgatctag ttctattaaa aaaagaaaac aataaaaaag660  
 40 ccctgcacaa ggcctacagc ccctctccct tccgtgcgtt caatggacgt ggtggtggct720  
 gttccacacc catTTTgttg cagttcctgt gagacaggag aggctgagcc aagggaactg780  
 tgaaggggat gggcaggagg gcttgtgcag ggTTTTgtaa gcagtgatct agtttcatta840  
 aaaaaagaga ac 852

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1739 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 50 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55



```
cgtttttcaa aggcagccca gggttgagtt tgaaggggca gcctctttcg tcttttttca1620
cgtttttccc acttttttgg ggatccccgt ttacattttg agttccactt ggggaagtta1680
g 1681
```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 852 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

```
30 ggcaatttcc gttaggtgct gaaggctgtg gcgcgcggct gtccccattc ccacgtgaag 60
cgctacgcta gcatcgctcg gctggcggct cccagctcgc cgcgagcag tcccggcagc120
agcgggggac cggaagtggc tcgcggaggc tcagaagcta gtcccggagc ccggcgtgtg180
gcgcctcgga gcacggtgac ggcgccatgt ccctaactctg ctccatctct aacgaagtgc240
cggagcacc atgtgtatcc cctgtctcta atcatgttta tgagcggcgg ctcacgaga300
agtacattgc ggagaatggt accgacccca tcaacaacca gcctctctcc gaggagcagc360
35 tcatcgacat caaagttgct cacccaatcc ggccaagcc tccctcagcc accagcatcc420
cggccattct gaaagctttg caggatgagt gggatgcagt catgctgcac agcttcactc480
tgcgccagag ctgcagacaa cccgccaaaga gctgtcacac gctctgtacc agcacgatgc540
cgctgcccgt gtcattgccc gtctcaccaa ggaaactgtg aaggggatgg gcaggagggc600
40 ttgtgcaggg ttttgaagc agtgatctag ttctattaaa aaaagaaaac aataaaaaag660
ccctgcacaa ggectacagc ccctctccct tctgtcgtt caatggacgt ggtggtggt720
gttccacacc cattttgttg cagttcctgt gagacaggag aggctgagcc aagggaaactg780
tgaaggggat gggcaggagg gcttgtgcag ggttttgtaa gcagtgatct agtttcatta840
aaaaagaga ac 852
```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1739 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

15  gaagcccgagg gcctggcgac ggcgacgcgg agcggagcgg cagcgacgcg gggcgatcgc 60
    ttcacggatg cggacgacgt agccatcctt acctacgtga aggaaaatgc ccgctcgccc 120
    agtccggtca ccggtaacgc cttgtggaaa gcgatggaga agagctcgct cagcgacgac 180
    tcgtggcagt ccctgaagga ccgctacctc aagcacctgc ggggccagga gcataagtac 240
    ctgctggggg acgcgcgggt gagccctcc tcccagaagc tcaagcggaa ggcggaggag 300
    gacccggagg ccgcgatag cggggaacca cagaataaga gaactccaga tttgcctgaa 360
20  gaagagtatg tgaaggaaga aatccaggag aatgaagaag cagtcaaaaa gatgcttgtg 420
    gaagccaccc gggagtttga ggaggttgtg gtggatgaga gccctcctga ttttgaaata 480
    catataacta tgtgtgatga tgatccaccc acacctgagg aagactcaga aacacagcct 540
    gatgaggagg aagaagaaga agaagaaaaa gtttctcaac cagaggtggg agctgccatt 600
    aagatcattc ggcagttaat ggagaagttt aacttggatc tatcaacagt tacacaggcc 660
25  ttcctaaaaa atagtgggtga gctggaggct acttccgcct tcttagcgtc tggtcagaga 720
    gctgatggat atcccatttg gtcccgaaca gatgacatag atttgcaaaa agatgatgag 780
    gataccagag aggcatttgt caaaaaattt ggtgctcaga atgtagctcg gaggattgaa 840
    tttcgaaaga aataattggc aagataatga gaaaagaaaa aagtcatggt aggtgaggtg 900
    gttaaaaaaa attgtgacca atgaacttta gagagttctt gcattggaac tggcacttat 960
30  tttctgacca tcgctgctgt tgctctgtga gtcctagatt tttgtagcca agcagagttg 1020
    tagaggggga taaaaagaaa agaaattgga tgtatttaca gctgtccttg aacaagtatc 1080
    aatgtgttta tgaaggaag atctaaatca gacaggagtt ggtctacata gtagtaatcc 1140
    attgttggaa tggaaccctt gctatagtag tgacaaagt aaaggaaatt taggaggcat 1200
    aggccatttc aggcagcata agtaatctcc tgtcctttgg cagaagctcc tttagattgg 1260
35  gatagattcc aaataaagaa tctagaaata ggagaagatt taattatgag gccttgaaca 1320
    cggattatcc ccaaaccctt gtcatttccc ccagtgagct ctgatttcta gactgctttg 1380
    aaaatgctgt attcatttg ctaacttagt atttgggtac cctgctcttt ggctgttctt 1440
    tttttggagc ccttctcagt caagtctgcc ggatgtcttt ctttacctac ccctcagttt 1500
    tccttaaaac gcgcacacaa ctctagagag tgtaagaat aatgttactt ggtaaatgtg 1560
40  ttattttattg agtattgttt gtgctaagca ttgtgttaga tttaaaaaat tagtggattg 1620
    actccacttt gttgtgttgt tttcattgtt gaaaataaat ataactttgt attcgaaaaa 1680
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa agaggggaaa gggggaagag gagcaaaa 1739

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 805 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

15 gaagcccgagg gcctggcgac gcgcacgcgg agcggagcgg cagcgcacgc gggcgatcgc 60
   ttcacggatg cggacgacgt agccatcctt acctacgtga aggaaaatgc ccgctcgccc 120
   agtcccgta cccgtaacgc cttgtggaaa gcgatggaga agagctcgct cagcgagcac 180
   tcgtggcagt ccctgaagga ccgtacctc aagcacctgc ggggccagga gcataagtac 240
   ctgctggggg acgcgccggg gagccctcc tcccagaagc tcaagcggaa ggcggaggag 300
   gacccggagg ccgcggatag cggggaacca cagaataaga gaactccaga tttgcctgaa 360
20 gaagagtatg tgaaggaaga aatccaggag aatgaagaag cagtcaaaaa gatgcttgtg 420
   gaagccaccc gggagtttga ggaggttgtg gtgatgaga gccctcctga ttttgaata 480
   catataacta tgttgtatga tgatccaccc acacctgagg aagactcaga aacacagcct 540
   gatgaggagg aagaagaaga agaagaaaaa gttctcaac cagaggtggg agctgccatt 600
   aagatcattc ggcagttaat ggagaagttt aacttggatc tatcaacagt tacacaggcc 660
25 ttcctaaaaa atagtgggta gctggaggct acttccgcct tcttagcgtc tggtcagaga 720
   gctgatggat atcccattt gtcccgacaa gatgacatag atttgcaaaa agatgatgag 780
   gataccagag aggcatttgt caaaaaattt ggtgctcaga atgtagctcg gaggattgaa 840
   tttcgaaaaga aataattggc aagataatga gaaaagaaaa aagtcattgt aggtgagggtg 900
   gttaaaaaaa attgtgacca atgaacttta gagagttctt gcattggaac tggcacttat 960
30 tttctgacca tcgtgctgtg tgctctgtga gtcttagatt tttgtagcca agcagagttg1020
   tagaggggga taaaaagaaa agaaattgga tgtatttaca gctgtccttg aacaagtatc1080
   aatgtgttta tgaaaggaag atctaaatca gacaggagtt ggtctacata gtagtaatcc1140
   attgttgga tggaaccctt gctatagtag tgacaaagt aaaggaaatt taggaggcat1200
   aggccatttc aggcagcata agtaatctcc tgccttttg cagaagctcc tttagattgg1260
35 gatagattcc aaataaagaa tctagaaata ggagaagatt taattatgag gccttgaaca1320
   cggattatcc ccaaaccctt gtcatttccc ccagttagct ctgatttcta gactgctttg1380
   aaaatgctgt attcattttg ctaacttagt atttgggtac cctgctcttt ggctgttctt1440
   tttttggagc ccttctcagt caagtctgcc ggatgtcttt ctttacctac ccctcagttt1500
   tccttaaaac gcgcacacaa ctctagagag tgtaagaat aatgttactt ggttaatgtg1560
40 ttattttattg agtattgttt gtgctaagca ttgtgttaga tttaaaaaat tagtggattg1620
   actccacttt gttgtgttgt tttcattgtt gaaaataaat ataactttgt attcgaaaaa1680
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa agaggggaaa gggggaagag gagcaaga 1739

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

```

ataggcgcac cccaaggtca gggtcacctc gagcctccag acaactgcgt caccttgacg 60
accaactgaa aaaaccggaa gggatggaa gacggatca tctcgcgata tctggagcgt 120
ctgcgcctgc cttcctgacc tgggacttgt ttccagctct cgcgagactt tcaggggtcg 180
gagcgcgggg gccggccgag aggaaagctg gaggcgcggg tggggaacat gtctgagtcg 240
gagctcggca ggaagtggga ccggtgtctg gcggatgcgg tcgtgaagat agaatcctgg 300
taattgatgt ccacccgaga aatccctgca gatgttccag cctctgtcta gtccagatag 360
ccacaggaag ggtactggtt ttggattagg aattgttttc tcacttacct tctttaaaag 420
aagaatgtgg ccattagcct tcggttcttg catgggatta ggaatggctt attccaactg 480
tcagcatgat ttccaggctc catatcttct acatggaaaa tatgtcaaag agcaggagca 540
gtgacttcac ctgagaacat ccagcggga ggacaagaga aatcatgttt attcctcagg 600
aatactgaag tgccctggag taagctgcca ttcttctgta acaatgttat cagtaatgct 660
ttaaactcca gcacctggtt atgcatttga aaccaagtct gtttcttgtt ttgtattttc 720
tctctggaag ttgtaaggag gtggtcttaa ataaattaaa caaaaatagg aagtccaaaa 780
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 805
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1483 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

tgaaaaagac ccaacgcca cacctggtgc cttttgcagc cagcggccac ccattccgtgc 60
ccggaccctt gggaatgcc gcggtccag aggaaaaagc ccagggacgg ggctccgtt 120
gcgggggggc ggctgcttct tgggaacttt gtcgtttccg gcgctggctg gctggctggc 180
tgtaagcac tgaagcccc cgcccgcca cccctgaaag cagaacctgg cctccctggc 240
cacagcagcc ttaccacccg ctctacgtgt cccgggcact tccgcagcc ttcccgctcc 300
tttctcatcg gccttgtagt tgtacagtgc tggtggttg aaaaggtgat gtgtggggag 360
  
```

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

10

```

ataggcgcac cccaaggtca ggggtcacctc gagcctccag acaactgcgt caccttgacg 60
accaaactgaa aaaaccggaa gggatggaag cagcggatca tctcgcgata tctggagcgt120
ctgcgccctgc cttcctgacc tgggacttgt ttccagctct cgcgagactt tcaggggtcg180
gagcgcgggg gccggccgag aggaaagctg gaggcgcggg tggggaacat gtctgagtcg240
15 gagctcggca ggaagtggga ccggtgtctg gcggatgcgg tcgtgaagat agaatcctgg300
taattgatgt ccaccgaga aatccctgca gatgttccag cctctgtcta gtccagatag360
ccacaggaag ggtactggtt ttggattagg aattgttttc tcacttacct tctttaaaag420
aagaatgtgg ccattagcct tcggttcttg catgggatta ggaatggctt attccaactg480
tcagcatgat ttccaggctc catatcttct acatggaaaa tatgtcaaag agcaggagca540
20 gtgacttcac ctgagaacat ccagcggga ggacaagaga aatcatgttt attcctcagg600
aatactgaag tgccctggag taagctgcca ttctctgtta acaatgttat cagtaatgct660
ttaaactcca gcacctggtt atgcatttga aaccaagtct gtttcttgtt ttgtattttc720
tctctggaag ttgtaaggag gtggtcttaa ataaattaaa caaaaatagg aagtccaaaa780
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 805

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1483 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

50

```

tgaaaaagac ccaacgccaa cacctgggtgc cttttgcagc cagcgccac ccatccgtgc 60
ccggaccctt gggaaatgcc gcggtccag aggaaaaagc ccaggagcgg ggcctccgtt 120
gcggggggtc ggctgcttct tgggaacttt gtcgtttccg gcgctggctg gctggctggc 180
tgtaaagcac tgaagccccc cgccgccaa cccctgaaag cagaacctgg cctccctggc 240
cacagcagcc ttaccaccg ctctacgtgt cccgggcact tcccgcagcc ttcccgctcc 300
55 tttctcatcg gcctttagt tgtacagtgc tggtggttg aaaagtgat gtgtggggag 360

```

```

5  tgcggctcat cactgagtag agaggtagaa tttctattta accagacctg tagtagtatt 420
   accaatccag ttcaattaag gtgatttttt gtaattatta ttatttttgt gggacaatct 480
   ttaattttct aaagatagca ctaacatcag ctcattagcc acctgtgcct gtccccgcct 540
   tggcccggtt ggatgaagcg gcttccccgc agggcccca cttcccagtg gctgcttcct 600
   ggggacccag ggcaccccg cacccttcagg cacgctcctc agctggtcac ctcccggctt 660
   tgcggttcag atggggctcc tgaggctcag gagtgaagat gccacagagc cgggctcccc 720
   taggctgcgt cgggcatgct tggaagctgg cctgccagga ccttccaccc tggggcctgt 780
   gtcagccgcc ggccctccgc accctggaag cacacggcct ctgggaagga cagccctgac 840
   cttcggtttt ccgagcacgg tgtttcccaa gaattctggg ctggcgccct ggtggcagtg 900
10  ctggagatga ccccgagccc ctcccgtgg ggcacccagg agggccctgc cggaatgtgc 960
   agcctgtggg tagtcggctg gtgtccctgt cgtggagctg ggggtgcgtga tctgggtgctc1020
   gtccacgcag gtgtgtgtg taaacatgta tgtgctgtac agagagacgc gtgtggagag1080
   agccgcacac cagcgccacc caggaaaggc ggagcggtta ccagtgtttt gtgtttattt1140
   ttaatcaaga cgtttccctt gtttccctat aaatttgctt cgtgtaagca agtacataag1200
15  gaccctcctt tggtgaaatc cgggttcgaa tgaatatctc aaggcaggag atgcatctat1260
   tttaagatgc tttggagcag acagctttag ccgttcccaa tccttagcaa tgccttagct1320
   gggacgcata gctaatactt tagagaggat gacagatcca taaagagagt aaagataaga1380
   gaaaatgtct aaagcatctg gaaaggtaaa aaaaaaaaaa tctatttttg gacaaatgta1440
20  attttatccc ccatgggatg cttgggtatg gcggggggga ggc
                                           1483

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1347 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

45  tgaggctctt catgactgca agtgttatat tggactggat ggtcatgaag tccctttcat 60
   agccagagat tttgtgtggc tgctaaaatg cttacatctc tggctatgaa agggacttca 120
   tgaccatcca gtccaatata acacttgcag acagagaaac tgaggctctt catgacttgc 180
   ctagtctccc agctagtttg aggcaaaact ggattcccac tctggtattc tttcttccct 240
50  ttacatcatt ttccctcctt tataatgtcc tgagagacca gaactcacac cagaatcgat 300
   tattcctcag gtgaagcata gactctttca tggtagacag atttcacgac tcagagatag 360
   aaatctcttg ctatcatcag gtcacgggca gctcctgtgg agtcctgccc aacttatgtg 420
   gcttccataa aatggcaaca gtccaggctc cttgcctaatt tttagagcat taactcccta 480
   attgccagta agcaaggagg tggatctctg caaacctaca ctgtctatga cagctctagt 540
   tgtacttggg gtgactaaat acctcaaagg caacctgctt ctgcaggttt tgaagtgtca 600
55  gcttcataag acactgaggt ttagaattgt ttgattctag accataactg aagggcataa 660
   atggaaacag gatatgaagg gaaacaagta gcatcatgga gctgaaaagt ggtgcatcac 720
   ccaatggcta gcacaaacaa ggtacacact gtccattctc ttgtctgcta aattaagcat 780

```

```

tgcggctcat cactgagtag agaggtagaa tttctattta accagacctg tagtagtatt 420
accaaaccag ttcaattaag gtgatttttt gtaattatta ttatttttgt gggacaatct 480
ttaattttct aaagatagca ctaacatcag ctcatagacc acctgtgcct gtccccgcct 540
5 tggcccggtt ggatgaagcg gcttccccgc agggccccca cttcccagtg gctgcttctt 600
ggggaccacg ggcaccccg gaccttcagg cacgtctctc agctggtcac ctcccggctt 660
tgcggttcag atggggctcc tgaggctcag gagtgaagat gccacagagc cgggctcccc 720
taggctgcgt cgggcatgct tggaagctgg cctgccagga ccttccaccc tggggcctgt 780
gtcagccgcc ggccctccgc accctggaag cacacggcct ctgggaagga cagccctgac 840
cttcgggttt ccgagcacgg tgtttcccaa gaattctggg ctggcgccct ggtggcagtg 900
10 ctggagatga ccccagccc ctcccgtgg ggcacccagg agggccctgc cggaatgtgc 960
agcctgtggg tagtcggctg gtgtccctgt cgtggagctg ggggtgcgtga tctgggtgctc 1020
gtccacgcag gtgtgtgtg taaacatgta tgtgctgtac agagagacgc gtgtggagag 1080
agccgcacac cagcgccacc caggaaaggg ggagcgggta ccagtgtttt gtgtttattt 1140
15 ttaatcaaga cgtttccctt gttttcctat aaatttgctt cgtgtaagca agtacataag 1200
gacctcctt tggtgaaatc cgggttcgaa tgaatatctc aaggcaggag atgcatctat 1260
tttaagatgc tttggagcag acagctttag ccgttcccaa tccttagcaa tgccttagct 1320
gggacgcata gctaatactt tagagaggat gacagatcca taaagagagt aaagataaga 1380
gaaaatgtct aaagcatctg gaaaggtaaa aaaaaaaaaa tctatttttg gacaaatgta 1440
20 atttatccc ccatgggatg cttgggtatg gcggggggga ggc
1483

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1347 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

45 tgaggctctt catgactgca agtgttatat tggactggat ggtcatgaag tccctttcat 60
agccagagat tttgtgtggc tgctaaaatg cttacatctc tggctatgaa agggacttca 120
tgaccatcca gtccaatata acacttgacg acagagaaac tgaggctctt catgacttgc 180
ctagtctccc agctagtgtt aggcaaaact ggattcccac tctgggtattc tttcttccct 240
50 ttacatcatt ttccctcctt tataatgtcc tgagagacca gaactcacac cagaatcgat 300
tattcctcag gtgaagcata gactctttca tggtagacag atttcacgac tcagagatag 360
aaatctcttg ctatcatcag gtcacgggca gctcctgtgg agtcctgccc aacttatgtg 420
gcttcataaa aatggcaaca gtccaggctc cttgcctaata tttagagcat taactcccta 480
attgccagta agcaaggagg tggatctctg caaacctaca ctgtctatga cagctctagt 540
55 tgtacttggg gtgactaaat acctcaaagg caacctgctt ctgcagggtt tgaagtgtca 600
gcttcataag acactgaggt ttagaattgt ttgattctag accataactg aagggcataa 660
atggaaacag gatatgaagg gaaacaagta gcatcatgga gctgaaaagt ggtgcatcac 720
ccaatggcta gcacaaacaa ggatcacact gtccattctc ttgtctgcta aattaagcat 780

```

5 tttcttgccct cctttgcttc atctttttcac aacagctgga tagagggatc agaaatgact 840  
 gtgtcatgggt gctcattcac tgcaaaactcc cagttgcaag ctcccttggt cccccggagg 900  
 gagcaagaat ctcatagttc agagacacag agggcctttt agccctaag accttttggg 960  
 tgggactgca actcatgact atcctgatat tggaagaaag gactttgtta atcttctccc1020  
 ccatagctct gctgcgtagg tctacatctt actcagaatc actacacatt ccttttagtct1080  
 tcctccaagc tccagagcca ttggtacaaa tgctttattg aaactaaata cataatacac1140  
 acaatgagat gaagacaata tagaagtcgc catagtcac ataatcccg tccctggccg1200  
 gttgaggcag ctccagtggc gagcccagtc aagccaaccc gcagcttcac tcacgacttc1260  
 10 aagatttgat gctaattctt ttggatttct acagttatta aataagtgtc tgagtggaaa1320  
 aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaat 1347

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1683 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:118

35 aattcggcac gatgggggga atctccgacc ccgacaccct acacatctgg aagaccaaca 60  
 gccttctct cgggttctgg gtgaacatcc tgaagaaccc ccagtttgct tttgacatcg 120  
 acaagacaga ccacatcgac gcctgccttt cagtcacgcg gcaggccttc atcgacgcct 180  
 40 gctccatctc tgacctgcag ctgggcaagg attcgccaac caacaagctc ctctacgcca 240  
 aggagattcc tgagtaccgg aagatcgtgc agcgctacta caagcagatc caggacatga 300  
 cgccgctcag cgagcaagag atgaatgccc atctggccga ggagtcgagg aaataccaga 360  
 atgagttcaa caccaatgtg gccatggcag agatttataa gtacgccaag aggtatcggc 420  
 cgcagatcat ggccgcgctg gaggccaacc ccacggcccg gaggacacaa ctgcagcaca 480  
 agtttgagca ggtggtggct ttgatggagg acaacatcta cgagtgtctac agtgaggcct 540  
 45 gagacacatg gagagttggt caggctgctg ctgggagaaa tggacgcca ctgggcctca 600  
 acttgatctt ctaccccgct cctgtgactc agactgggaa atactgagca gagacggctg 660  
 gggcgggggc aggaggagg gctgctctct gagacagggg cgcccccgc ttgacccctg 720  
 ggcacctcca tccctccca cctgtcccca gatcagtctc tgggatggag gccagagagc 780  
 50 tggtcaggct ccccatctg ccagcacgg cctgcactgt gccacccac ttgctccaca 840  
 acgtccagtt ggtcctgctg ccaagagccc cgtgcatcca ggccggccaag cacaactgg 900  
 gggagaggag gccgccagcc cggaggctgc agcccagaaa ctctacctca tccacactgg 960  
 tgcaggaggc cctcctgaa ctgacctttg attggtttct gcttcaacta ccaaatgtt1020  
 atctccactt cccctcacc cgtagaggat cctggccaca gacagtttca agtagtgtca1080  
 gatttttgtt gcttgggagg ctgttggtag agtgggcagt gcccgcgcca tggggtgctc1140  
 55 tgtgggcttc tccaggagca gggagggtgg aggggagga tggggggcac aggagctggg1200  
 agcccgctc ccaggaaaag gagagggtt aagatgcacc gaggtgtg ctgggctact1260  
 tgatcttgct gaaagtgttt ctaaagatag caccactttt ttttttaaag cttttatata1320



```

      tttcttgcc  cctttgcttc  atcttttcac  aacagctgga  tagagggatc  agaaatgact  840
      gtgtcatggt  gctcattcac  tgcaaactcc  cagttgcaag  ctcccttggt  cccccggagg  900
      gagcaagaat  ctcatagtcc  agagacacag  agggcctttt  agccctaata  accttttgga  960
      tgggactgca  actcatgact  atcctgatat  tggaaagaa  gactttgtta  atcttctccc 1020
5      ccatagctct  gctgcgtagg  tctacatctt  actcagaatc  actacacatt  cctttagtct 1080
      tcctccaagc  tccagagcca  ttggtacaaa  tgctttattg  aaactaaata  cataatacac 1140
      acaatgagat  gaagacaata  tagaagtccg  catagtcata  ataatcccg  tccttggccg 1200
      gttgaggcag  ctcaagtggc  gagcccagtc  aagccaaccc  gcagcttcac  tcacgacttc 1260
      aagatttgat  gctaattctt  ttggatttct  acagttatta  aataagtgtc  tgagtggaaa 1320
10      aaaaaaaaaa  aaaaaaaaaa  aaaaaat
                                           1347

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1683 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:118

35

```

      aattcggcac  gatgggggga  atctccgacc  ccgacaccct  acacatctgg  aagaccaaca  60
      gccttcctct  ccggttcttg  gtgaacatcc  tgaagaaccc  ccagtttgtc  tttgacatcg  120
      acaagacaga  ccacatcgac  gcctgccttt  cagtcacgcg  gcaggccttc  atcgacgcct  180
      gctccatctc  tgacctgcag  ctgggcaagg  attcgccaac  caacaagctc  ctctacgcca  240
40      aggagattcc  tgagtaccgg  aagatcgctg  agcgctacta  caagcagatc  caggacatga  300
      cgccgctcag  cgagcaagag  atgaatgccc  atctggccga  ggagtcgagg  aaataaccaga  360
      atgagttcaa  caccaatgtg  gccatggcag  agatttataa  gtacgccaag  aggtatcggc  420
      cgcagatcat  ggccgcgctg  gaggccaacc  ccacggcccc  gaggacacaa  ctgcagcaca  480
      agtttgagca  ggtggtggct  ttgatggagg  acaacatcta  cgagtgtctc  agtgaggcct  540
45      gagacacatg  gagagttggt  caggctgctg  ctgggagaaa  tggacgccc  ctgggcctca  600
      acttgatctt  ctaccccg  cctgtgactc  agactgggaa  atactgagca  gagacggctg  660
      gggcgggggc  aggaggagg  gctgctctct  gagacagggg  cgccccgc  ttgacccctg  720
      ggcacctcca  tcccccca  cctgtcccca  gatcagctct  tgggatggag  gccagagagc  780
      tggtcaggct  cccccatctg  ccagcacagg  cctgcactgt  gccacccac  ttgctccaca  840
50      acgtccagtt  ggtcctgctg  ccaagagccc  cgtgcatacc  ggcgccaag  cacaactgg  900
      gggagaggag  gccgccagcc  cggaggctgc  agcccagaaa  ctctacctca  tccacactgg  960
      tgcagggagc  cctccttgaa  ctgacctttg  attggtttct  gcttcaacta  ccaaaatggt 1020
      atctccactt  cccctcacc  cgtagaggat  cctggccaca  gacagtttca  agtagtgtca 1080
      gatctttgtt  gcttggcg  ctgttggtag  agtgggcagt  gccgcgcca  tggggtgctc 1140
55      tgtgggcttc  tccaggagca  gggagggtgg  agggagggga  tggggggcac  aggagctggg 1200
      agccccgtct  ccaggaaaag  gagagggtt  aagatgcacc  gaggctgtag  ctgggctact 1260
      tgatcttgct  gaaagtgtt  ctaaagatat  caccactttt  ttttttaaag  cttttatata 1320

```

ttaaaaaacg tatcatgcac caactgtgaa tagctgccc ttgcgcagag gacccgggga1380  
 ggggtcccga gaggtcccc atgcaacact ggaaatgact gttccagaga gcgggcagac1440  
 ctggcagagc gcccttgccg cctgagacta ccaccactc cgttcctgcc agaaacgacc1500  
 ctctgtggcc gatgggcat gcgggccct cgcagccaac tcagccagtg ttgggactgg1560  
 5 ctgagagccc atgggggctg gaggggggca gctgggactc tggaatcttc ttataataa1620  
 aagccttacg gacaaaccta aaaaaaaaaa aacaagacaa gagagggaaa gggaaagaag1680  
 ggg 1683

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1355 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

acaagcatgg aagctttact gtttcggctc ttcaaacttc cagcaactac actgcggtgc 60  
 atcggacttc gacgcccgtt ggtgacgcac acgctgcgcc ggaagtgtga acacaaagcc 120  
 35 tccaggcttt gtcattggcg ctgctgctgc acgctggaac catgtgtggg tcggcaccga 180  
 gactgggatac ttgaaagggg taaatcttca gcgaaaacag gcggcgaact tcacggccgg 240  
 aggacagccg cggcgcgagg aggcatgtg cgcctctgtt tggggcaccg gcggcgagac 300  
 ccagatgtcg gtgggctgcg cggacaggac ggtgaagcac ttcagcaccg aggatggcat 360  
 attccagggt cagagacact gcccgggcgg ggagggcatt ttccgtggcc tcgcccaggc 420  
 40 cgacggcacc ctcatcacat gtgtggattc tgggattctc agagtctggc atgacaagga 480  
 caaggacaca tcctctgacc cactcctgga actgagagtg ggccctgggg tgtgtaggat 540  
 gcgccaagac ccagcacacc cccatgtggt tgccacaggt gggaaagaga atgctttgaa 600  
 gatattggac ctgcagggtc ctgaggaacc tgtgttcagg gccaaagacg tgcggaatga 660  
 ctggctggac ttgcgggttc ccatctggga ccaggacata cagtttctcc caggatcaca 720  
 45 gaagcttgtc acctgcacag ggtaccacca ggtccgtgtt tatgatccag catccccca 780  
 gcgcccggca gtccatagaga ccacctatgg agagtacca ctaacagcca tgacctcac 840  
 tccgggagga aactcagtga ttgtgggaaa cactcatggg cagctggcag aaattgacct 900  
 tcggcaaggg cgtctactgg gctgtctgaa ggggctggca ggcagtgtgc gtgggttgca 960  
 gtgccaccct tcaaagcctc tactagcctc ctgtggcttg gacagagtct tgaggataca1020  
 50 caggatccag aatccacggg gtctggagca taaggtttat ctcaagtctc aattgaactg1080  
 cctcctcttg tcaggcaggg acaactggga ggatgagccc caagagcctc aagaaccaal1140  
 caaggtgccc ctagaagaca cagagacaga tgaactttgg gcatccttgagg aggcagtgc1200  
 caagcggaag ctctcgggtt tggagcagcc ccaaggagct ctccaaacga gacggagaaa1260  
 gaagaagcgg cctgggtcca ccagcccctg acgcccctgt gccactttg taaataaact1320  
 55 gctgaacacc caaaaaaaaaa gaaaaaaaaa agggg 1355

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

ttaaaaaacg tatcatgcac caactgtgaa tagctgccgc ttgcgcagag gacccgggga1380  
 ggggtccccg gaggtcccc atgcaacact ggaatgact gttccagaga gcgggcagac1440  
 ctggcagagc gcccctggcg cctgagacta ccaccactc cggttcctgcc agaaacgacc1500  
 5 ctctgtggcc gatgggcat gcgggcccct cgcagccaac tcagccagtg ttgggactgg1560  
 ctgagagccc atgggggctg gaggggggca gctgggactc tggaatcttc tttataataa1620  
 aagccttacg gacaaaccta aaaaaaaaaa aacaagacaa gagagggaaa gggaaagaag1680  
 ggg 1683

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1355 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

acaagcatgg aagctttact gtttcggctc ttcaaacttc cagcaactac actgcggtgc 60  
 35 atcggacttc gacgcccgtt ggtgacgcac acgctgcgcc ggaagtgtga acacaaagcc 120  
 tccaggcttt gtcattggcg ctgctgtctg acgctggaac catgtgtggg tcggcaccga 180  
 gactgggatc ttgaaagggg taaatcttca gcgaaaacag gcggcgaaact tcacggcccg 240  
 aggacagccg cggcgcgagg aggcagttag cgccctgtgt tggggcaccg gcggcgagac 300  
 ccagatgctg gtgggctgcg cggacaggac ggtgaagcac ttcagcaccg aggatggcat 360  
 40 attccagggg cagagacact gcccgggcgg ggagggcatt ttccgtggcc tcgcccaggc 420  
 cgacggcacc ctcattcacat gtgtggattc tgggattctc agagtctggc atgacaagga 480  
 caaggacaca tcctctgacc cactcctgga actgagagtg ggccctgggg tgtgtaggat 540  
 gcgcgaagac ccagcacacc cccatgtggt tgccacaggt gggaaagaga atgctttgaa 600  
 gatattgggac ctgcagggct ctgaggaacc tgtgttcagg gccaaagaacg tgcggaatga 660  
 ctggctggac ttgcggttcc ccatctggga ccaggacata cagtttctcc caggatcaca 720  
 45 gaagcttgct acctgcacag ggtaccacca ggtccgtgtt tatgatccag catcccccca 780  
 gcgcgggcca gtccctagaga ccacctatgg agagtaccga ctaacagcca tgaccctcac 840  
 tccgggaggc aactcagtga ttgtgggaaa cactcatggg cagctggcag aaattgacct 900  
 tcggcaaggc cgtctactgg gctgtctgaa ggggctggca ggcagtgtgc gtgggttgca 960  
 50 gtgccaccct tcaaagcctc tactagcctc ctgtggcttg gacagagtct tgaggataca1020  
 caggatccag aatccacggg gtctggagca taaggtttat ctcaagtctc aattgaactg1080  
 cctcctcttg tcaggcaggg acaactggga ggatgagccc caagagcctc aagaaccaca1140  
 caaggtgccc ctagaagaca cagagacaga tgaactttgg gcatccttgg aggcagctgc1200  
 caagcggaag ctctcgggtt tgagacagcc ccaaggagct ctccaaacga gacggagaaa1260  
 55 gaagaagcgg cctgggtcca ccagcccctg acgcccctgt gccactttg taaataaact1320  
 gctgaacacc caaaaaaaaaa gaaaaaaaaa agggg 1355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1816 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

25  ggctcagagag attctgaaaa gtaatccaaa gtgttccgta gctaaacatg gtgcaggctc 60
    gttgtaccac tgcaaccgac tgacgttact gtagtctcta gaatgctgtg agggcggggg 120
    gttcagatca acataaagcc taacttgctg gagttgtagt ctcaaggctt tctctcttgc 180
    ttaactaaaa cctaaggacc actgtttttg gtgcaatta tatggttact atccactgca 240
    gtccctcagtt gttggggtaa atcccacatg gcagagtaag gcaccccaca gaaattaact 300
    tggagagcct gagaaattcc cagtggcctt ggcatagctg tctagaacac catctctagg 360
30  aaaatttaaat tctgtccctg gccagctatt gttcttccac ttcgttttct gctgtcccaa 420
    ggccagatga gtggaatcac catctgactg ttgtcaataa aatgtatctg gcgtgaacag 480
    caggataacc catgtttctc acataaggat aaccttacgt gaaaccttcc tgctgacaac 540
    catgcagagg aatttttcca cttaagtcag agccttctct cccatctgga attcacagct 600
    gttccctggc agcacacagg aggggtattaa ggacctttgt gaggctagggt aactgtcca 660
35  cactcttttg gggaagttac gatttttttt ttccatcata attcagttct ttcttattct 720
    acagtgtgca ctttatgcct ctgcgcctttt gataatagtt gttcagtga ggaagtcagc 780
    tgccagaata ttaagaaggg tctcccttta tgtcagtaca actgttaggg cggccttccc 840
    atttacttta ggtttcaaga ggattcaccg gaagcacatg ccccggtcta gtcccatttg 900
    aaacagttct gctttactga gaccctaggg cggtctctct gctgacctta gcgtgctgc 960
40  ctaggtgcca tttcctttcc tctcagtc aatacagggt gcacattttg tcaactaatg1020
    ccagtacaat ctgtgttact cctaaggact tttgggattt tgatgagacc tgcgaggagg1080
    aagacactga gaagccagtg atctgcaagc atttgcctct gtttccacat cacctctggg1140
    atatttcagc tgttggtttcc aaatggcaaa tcatcaacta aaagcacttg tttcaagttt1200
    tgttctgcac tcccagcact gaagttgtag attgagctga ataaccatgg gaagtgaccal260
45  agcaaagaca ctcgattgga gtcagttgaa tatttgtacc ctgagtgagg cccttctgggt1320
    cttttcttcc acttctgcag aatttctctt agcaaatact tctttctctt tgcttgctct1380
    caccatgata tttgaataag agatggccag aggataacac ttgtctctta aaaactaagc1440
    taaaaagaac ctagaacctt caattgagca gttgtgaaaa ttgctaattg tgccaaggcc1500
    aagcaaagag tttcagaaaa tgactgagaa ggagcgataa cccccagaat gcaaaatcag1560
50  gggcatcatt atccgggtgct tgaacaagga gctccgctct acaactgggt tttttaggac1620
    ttgtgaggaa cacagcaacg gaaatccatc cacaaaggat gcagtgcacc aacttgact1680
    gcgcctgaat agtcatgtga taatttactg aagaaatcta gtgtacttta aatttttttc1740
    ataaaagttt acattgtatt gtaggttaac attaaatgtt ttatagcaaa aacttcaaaa1800
    aaaaaaaaaa aaaaaa 1816

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1816 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

25  ggctcagagag attctgaaaa gtaatccaaa gtgttccgta gctaaacatg gtgcaggctc 60
    gttgtaccac tgcaaccgac tgacgttact gtagttccta gaatgctgtg agggcggggg 120
    gttcagatca acataaagcc taacttgctg gagttgtagt ctcaaggctt tctctcttgc 180
    ttaactaaaa cctaaggacc actgtttttg gtgcaatta tatggttact atccactgca 240
    gtcctcagtt gttggggtaa atcccacatg gcagagtaag gcacccca gaaattaact 300
    tggagagcct gagaaattcc cagtggcctt ggcatagctg tctagaacac catctctagg 360
30  aaaatttaaat tctgtccctg gccagctatt gttcttccac ttcgttttct gctgtcccaa 420
    ggccagatga gtggaatcac catctgactg ttgtcaataa aatgtatctg gcgtgaacag 480
    caggataacc catgtttctc acataaggat aaccttacgt gaaaccttcc tgctgacaac 540
    catgcagagg aatttttcca cttaagtcag agccttctc cccatctgga attcacagct 600
    gttccctggc agcacacagg aggggtattaa ggacctttgt gaggctagggt aactgtcca 660
35  cacctctttg gggaagttac gatttttttt ttccatcata attcagtctc ttcttattct 720
    acagtgtgca cttttatgct ctcgcctttt gataatagtt gttcagtga ggaagtcagc 780
    tgccagaata ttaagaaggg tctcccttta tgtcagtaca actgttaggg cggccttccc 840
    atttacttta ggtttcaaga ggattcaccg gaagcacatg ccccggtcta gtccatttg 900
    aaacagttct gctttactga gaccctaggg cggtctcctt gctgacccta gcgtgctgc 960
40  ctaggtgcca ttctctttcc tcctcagtc aatacaggct gcacattttg tcaacttaatg 1020
    ccagtacaat ctgtgttact cctaaggact ttggggattt tgatgagacc tgcgaggagg 1080
    aagacactga gaagccagtg atctgcaagc atttgctctt gtttccacat cacctctggg 1140
    atatttcagc tgttgtttcc aaatggcaaa tcatcaacta aaagcacttg tttcaagttt 1200
    tgttctgcac tcccacgact gaagtgttag attgagctga ataaccatgg gaagtgaac 1260
45  agcaaagaca ctcgattgga gtcagttgaa tatttgtacc ctcaagtggag cccttctggt 1320
    cttttcttcc acttctgcag aatttctctt agcaaatact tctttctcct tgcttgctct 1380
    caccatgata tttgaataag agatggccag aggataacac ttgtctctta aaaactaagc 1440
    taaaaagaac ctagaacctt caattgagca gttgtgaaaa ttgctaattg tgccaaggcc 1500
    aagcaaagag tttcagaaaa tgactgagaa ggagcgataa cccccagaat gcaaaatcag 1560
50  gggcatcatt atccggtgct tgaacaagga gctccgctct acaactgggt tttttaggac 1620
    ttgtgaggaa cacagcaacg gaaatccatc cacaaaggat gcagtgtccc aactgtact 1680
    gcgcctgaat agtcatgtga taatttactg aagaaatcta gtgtacttta aattttttct 1740
    ataaaagttt acattgtatt gtaggttaac attaaatgtt ttatagcaaa aacttcaaaa 1800
    aaaaaaaaaa aaaaaa

```

1816

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 740 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:123

```

25 tttagaattc agcataggtt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgcccgg 60
cttcacaccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
ctcctctgat actgtgcccc cttggagata ttccgtcct ccaccacgt gtctgtggct180
ggaactgccc agcctgtccc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240
taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300
tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctcctttt cagggatgtc gtggcgcccc360
gagggggttc ttggtgctac agcctctccc ccaccctaa agggacgccg acgctgtttg420
30 ctgccttcac cacatattag tgcttgacct tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480
agagcaaat acatggagac gacgcaccct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcccc540
ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
cgaataaagc caaggcttct tccccaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagataggtt660
35 agttaaggcg gccgaaagt tttttccctt tagtaagggt tagtttttag tttggggttg720
gccttcgttt ttaagaacgt
740

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1493 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 740 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:123

```

tttagaattc agcatagggt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgccccg 60
cttcacaccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
25 ctccctctgat actgtgcccc cttggagata tttccgtcct ccaccacagt gtctgtggct180
ggaactgccc agcctgtctc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240
taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300
tacgtagaaa ggccccgggg ctttatattta gtctcctttt cagggatgtc gtgggccccg360
gaggggggtt ttggtgctac agccctctcc ccaccctaa agggacgccg acgctgtttg420
30 ctgccttcac cacatattag tgcttgacct tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480
agagcaaaat acatggagac gacgcaccct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcca540
ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
cgaataaagc caaggcttct tcccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagataggtt660
agttaaggcg gccgaaagt ttttccctt tagtaagggt tagtttttag tttggggttg720
35 gccttcgttt ttaagaacgt                                     740

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1493 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```

aacacctgcc ctggttcagc gcttttagga gggcggtcca ggcgccccgg agcaggcaga 60
gtgcgtggag ctgctgctgg ccttgggcga gcctgcggag gagctgtgcg aggagttcct 120
ggcgcaagcc cgcgcccgcc tggagaagga gctgagaaac ctggaggccg agctggggcc 180
10 ctacactccg gctcccgacg tgttagagtt caccgacctt ggaggcagtg gcttcgtggg 240
cggcctctgc caggtggcgg cggcctacca ggagctgttt gcggcccagg gccagcagg 300
tgccgagaag ctggcgccct tcgcccggca gctgggcagc cgtatatttg cgctgggtga 360
gcggcggtcg gcgcaggagc aggggtgttg tgacaactca ctgctggtgc gggcgctgga 420
ccgcttcac cggcgcttgc gggctcccgg ggccctgctg gccgctgccg ggctcgaga 480
15 cgctgccacg gagatcgtgg aacgagtggc ccgcgagcgc ctggggccacc acctgcaggg 540
tctccgggcg gccttcctgg gctgcctgac agacgtccgc caggcgctgg cagcacctcg 600
cgtggctggg aaggagggcc ctggcctggc cgagttgctg gccaatgtgg ccagctccat 660
cctgagccac attaaagcct ctctggcagc agtgacactt ttcaccgcca aagaggtgtc 720
20 cttctccaac aagccctact tccgggtgta gttctgcagt cagggtgtcc gtgaggccct 780
catcgtgggc ttctgccaact ctatgtgcca gacggctcag agcttctgcg acagccctgg 840
ggagaagggg ggtgccacac cacctgccct gctcctgctg ctctcccgcc tctgcctgga 900
ctacgagacg gccaccatct cctacatcct cactctcact gatgaacagt ttctggtgca 960
ggatcagttc ccagtgcgc ccgtgagcac gctgtgtgca gaggccaggg aaacggcgcg 1020
25 gcggctgctg acccactacg tgaaggtgca gggcctggtc atatcacaga tgctgcgcaa 1080
gagcgtggag actcgcgact ggctcagcac tctggagccc cggaatgtgc gggccgtcat 1140
gaagcggtg gtggaggata ccaccgccat cgacgtgcag gtggggctcc tgtacgaaga 1200
gggtgttcgc aagggccaga gcagcgactc cagcaagagg actttctccg tgtacagcag 1260
ctctcggcag cagggcgct acgccccag ctataccccc agtgcccga tggacaccaa 1320
30 cctcttgagc aatatccaga agctattctc tgaacgtatt gatgtgttca gccctgtgga 1380
gttcaacaag gtgtcggtgc tgaccggcat catcaagatc agcctgaaga cgcttgctgg 1440
gagtggtgtc gggctgcgaa cctttttggc cctttgcggg cttcaacaag ggg 1493
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 250 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
50 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125



## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```

aacacctgcc ctggttcagc gcttttagga gggcggetca ggcgccccgg agcaggcaga 60
gtgcgtggag ctgctgctgg ccctgggcga gcctgcggag gagctgtgcg aggagttcct 120
ggcgccagcc cgcggccggc tggagaagga gctgagaaac ctggaggccg agctggggcc 180
10 ctacactccg gctcccagc tgtagagtt caccgacat ggaggcagt gcttcgtggg 240
cggcctctgc caggtggcgg cggcctacca ggagctgttt gcggcccagg gccagcagg 300
tgccgagaag ctggcggcct tcgcccggca gctgggcagc cgctattttg cgctggtgga 360
gcggcggctg gcgcaggagc aggtgtgtgg tgacaactca ctgctggtgc gggcgctgga 420
ccgcttccac cggcgcttgc gggctcccgg ggccctgctg gccgctgccg ggctcgca 480
15 cgctgccacg gagatcgtgg aacgagtggc ccgcgagcgc ctgggccacc acctgcaggg 540
tctccgggcg gccttctctg gctgcctgac agacgtccgc caggcgctgg cagcacctcg 600
cgtggctggg aaggagggcc ctggcctggc cgagttgctg gccaatgtgg ccagctccat 660
cctgagccac attaaaggcct ctctggcagc agtgacactt ttcaccgcca aagaggtgtc 720
cttctccaac aagccctact tccggggtga gttctgcagt cagggtgtcc gtgaggcct 780
20 catcgtgggc ttctccact ctatgtgcca gacggctcag agcttctgcg acagccctgg 840
ggagaagggg ggtgccacac cactgtccct gctcctgctg ctctcccgc tctgcctgga 900
ctacgagacg gccaccatct cctacatcct cactctcact gatgaacagt ttctggtgca 960
ggatcagttc ccagtgcgc ccgtgagcac gctgtgtgca gaggccagg aaacggcgcg 1020
gcggctgctg acccactacg tgaaggtgca gggcctggtc atatcacaga tgctgcgca 1080
25 gagcgtggag actcgcgact ggctcagcac tctggagccc cggaatgtgc gggccgtcat 1140
gaagcgggtg gtggaggata ccaccgccat cgacgtgcag gtggggctcc tgtacgaaga 1200
gggtgttcgc aaggcccaga gcagcgactc cagcaagagg actttctccg tgtacagcag 1260
ctctcggcag cagggccgct acgccccag ctatacccc agtgccccga tggacacca 1320
cctcttgagc aatatccaga agctattctc tgaacgtatt gatgtgttca gccctgtgga 1380
30 gttcaacaag gtgtcggtgc tgaccggcat catcaagatc agcctgaaga cgcttgctgg 1440
gagtgtgtgc gggctgcgaa cctttttggc ccttgcggg cttcaacaag ggg 1493

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

## 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 250 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

ccagactgaa ttgtcagtga gcggatctga gggcggtgtg gaggggccag tggggcttgg 60  
 ccgagatgga caaccggatt ccttatgatg actagccggt gggttcttgc ctgcctatga120  
 gaatcctcca gcatggaatc ctccatcatga gagggtagac agccggacta caacgatgag180  
 5 ttgaccaggt tttggcccga accatcacac tgaagaagcc tcctggagtc attgggatta240  
 agatcgaggg 250

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 10 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 15 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN  
 20
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:  
 25
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

30 tcggggggag cggcgcggcg gcgcgggagt tggttctaaa gagggtgag tcagaagaga 60  
 cgtcaggcag caagcgactt gggccatggc ctctgacctt gacttctcac ctccggagggt 120  
 gcccgagccc actttcctgg agaacctgct acggtagcga ctcttcctgg gagccatctt 180  
 ccagctcatc tgtgtgctgg ccacatcgt acccattccc aagtcaccag aggcggaggc 240  
 35 tgaaccgtct gagcccagaa gtgctgaggt gacgaggaag cccaaggctg ctgttccttc 300  
 tgtgaacaag aggcccaaga aagagactaa gaagaagcgg tagaagagga ggcctgagga 360  
 gctgggcggg caggagagg gtcttgggga cagccctcct gggaatctac attgtgttcc 420  
 cccgcattcc aggtcagggt tctgaggagg ctgtgacgcc ctatgaccgc agagatctag 480  
 acagtctgaa cagtccccag gctccagctg ggcaatccac cacttctctt tccttctgct 540  
 40 tctgtgacgg tttagagtca aggggctga aacacactgt gagcatagac tgtattaggt 600  
 ttgttcagaa gccgggtcag ctacacagat cacattttct tgcttagtca tgtgtccctc 660  
 cttgagttgc cccctccttg tgggtttaca ctacattttg gagtattgt ctaatgctga 720  
 caagcacacc ctctccatt atttgtgca tacagatctc ctgctgatca gtcacctttg 780  
 ttgctgctgt gtagacagag ccaggcctca cctgtttgtt taggccaaga tgccatggac 840  
 45 atgcagcgtt agtgatccca ctagtctgta cagccaggcc cagaaaatgc ctggcgtgag 900  
 agccagcaga cagccaggcc aggggtaggc agtgccgtgt tctgtccat cagggtgcagg 960  
 ggatttggtc gaaggcgtgc atatttcctg ggcacaaact tcctgagcct ctgaaatggg1020  
 aggtcgtca atttcagacc aacctctttt caaccatca tagcacgttc aagggtgacc1080  
 50 ttttacttct acctgtacat cccccatccc ttcaattctt tcattccctg accagtgcag1140  
 gggttcctgg gggaagtatg gtgaataaac tgacatgcat gcttcagaaa aaaaaaaaaa1200  
 aa 1202

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1014 Basenpaare

ccagactgaa ttgtcagtga gcggatctga gggcggtgtg gaggggccag tggggcttgg 60  
 ccgagatgga caaccggatt ccttatgatg actagccggt ggtttcttgc ctgcctatga120  
 gaatcctcca gcatggaatc ctcctcatga gagggtagac agccggacta caacgatgag180  
 5 ttgacccagt tttggcccga accatcacac tgaagaagcc tcttgagtc attgggatta240  
 agatcgaggg 250

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 10 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 15 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN  
 20
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:  
 25
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

30 tcgggggggag cggcgcggcg gcgcgggagt tggttctaaa gagggtgag tcagaagaga 60  
 cgtcaggcag caagcgactt gggccatggc ctctgacctt gacttctcac ctccggagggt 120  
 gcccagagccc actttcctgg agaacctgct acggtagcga ctcttcctgg gagccatctt 180  
 ccagctcatc tgtgtgctgg ccacatcgt accattccc aagtcaccag aggcggaggc 240  
 35 tgaaccgtct gagcccagaa gtgctgaggt gacgaggaag cccaaggctg ctgttccttc 300  
 tgtgaacaag agggccaaga aagagactaa gaagaagcgg tagaagagga ggctgagga 360  
 gctgggcggg caggagagg gtcttgggga cagccctcct gggaatctac attgtgttcc 420  
 cccgcatctc aggtcagggt tctgaggagg ctgtgacgcc ctatgaccgc agagatctag 480  
 acagtcgtaa cagtccccag gctccagctg ggcaatccac cacttctctt tccttctgct 540  
 40 tctgtgacgg tttagagtca agggggtcga aacacactgt gagcatagac tgtattaggt 600  
 ttgttcagaa gccgggtcag ctcacagagt cacattttct tgcttagtca tgtgtccctc 660  
 cttgagttgc cccctccttg tgggtttaca ctacattttg gactcattgt ctaatgctga 720  
 caagcacacc ctctccatt atttgtgcac tacagatctc ctgctgatca gtcaccttg 780  
 ttgtgtgctg ttagacagag ccaggcctca cctgtttgtt taggccaaga tgccatggac 840  
 45 atgcagcgtt agtgatcca ctagctgtga cagccaggcc cagaaaatgc ctggcgtgag 900  
 agccagcaga cagccaggcc aggggtaggc agtgctgct tctgctccat cagggtgcagg 960  
 ggatttggt gaaggcgtgc atatttcctg ggcacaaact tctgagcct ctgaaatggg1020  
 aggtcgtca atttcagacc aacctcttt caaccatca tagcagttc aagggtgtgcc1080  
 50 ttttacttct acctgtacat ccccatccc ttcaattctt tcattccctg accagtgagall140  
 gggttcctgg gggaagtatg gtgaataaac tgacatgcat gcttcagaaa aaaaaaaaaa1200  
 aa 1202

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1014 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

20 ccctttttttt ttcttttttga gatgggggga aagtcctagc aaaaggcagg agtttagcatt 60  
 ttccctttaac aagacttttct aatgctaaac aaagaccaac ttctttttaa aggggttggt 120  
 ttggttggtg gtgaaaaata ctgtactgta atgatctgct tggtttttaa gcaaaagaga 180  
 tcctgacatg tgaaaccaat acaccaaata gccaaagtcca caaatgaaca aaacaagtgc 240  
 25 ttaaaaaaaaa aattctttctg ctcttatatt tttggaggaa gctgctgatt ttggctgtca 300  
 gatttcactt agaaatgggc actttctgag atgctttttc ctacacagaat ctgtagataa 360  
 actcattaaa agattgtccc atttcaaaaat caccoccaaag tctagcagca ctgttttttt 420  
 ttttttttagt ttttgtttta aaattacaaa ccaagtaaga agtccaacat cctcttccat 480  
 gaacagcttt gtgacagagc tcctgagtgt gtgcagcccc cactgtgctc tgaatacagt 540  
 30 ctctgcagct ccagtgtgtc ctcttttcag gaaggaaagc atattcaata cattcactat 600  
 ctgtaccccc tggaaacttg acatgctgac gagctattat aagccaactc atccccagct 660  
 ctcttcgggg actggtcacc ccttgtaaaa ccattctgta taagttctct ttgaaatttc 720  
 tgatcttgag cagcatattc agaaagtcca gattccaccg ccggaggagg aatgtttgga 780  
 ataaatttag aaaatagagt tggagccatc tgaaccact ctggctgag ggtatacagg 840  
 35 cctttcacaa tatttgccat agttgaaggt gtgacctgaa atgggtgttg ctgggcttct 900  
 aaaagtaaag gcattaggcc gtaaagtgtc ttttctgcaa catgttccgt aaacagcttt 960  
 ataagggcac cttaagccc gggaagctg gtccatggga acctatcgtt ttg 1014

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1171 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

cccttttttt ttctttttga gatgggggga aagtcctagc aaaaggcagg agtttagcatt 60  
 ttcttttaac aagactttct aatgctaaac aaagaccaac ttctttttaa aggggttggt 120  
 ttggttggtg gtgaaaaata ctgtactgta atgatctgct tggtttttaa gcaaaagaga 180  
 tcctgacatg tgaaccaaat acacaaaat gccaaagtcca caaatgaaca aaacaagtgc 240  
 25 ttaaaaaaaa aattcttctg ctcttatatt ttggaggaa gctgctgatt ttggctgtca 300  
 gatttcactt agaatgggtc actttctgag atgctttttc ctacagaat ctgtagataa 360  
 actcattaaa agattgtccc atttcaaaa ccccccaag tctagcagca ctgttttttt 420  
 tttttttagt tttgtttta aaattacaaa ccaagtaaga agtccaacat cctcttccat 480  
 gaacagcttt gtgacagagc tcctgagtgt gtgcagcccc cactgtgctc tgaatacagt 540  
 30 ctctgcagct ccagtgtgtc ctcttttcag gaaggaaagc atattcaata cattcactat 600  
 ctgtaccccc tggaaacttg acatgctgac gagctattat aagccaactc atccccagct 660  
 ctcttcggg actgggtcacc ccttgtaaaa ccattctgta taagtctctt ttgaaatttc 720  
 tgatcttgag cagcatattc agaaagttca gattccaccg ccggagggag aatgtttgga 780  
 ataaatttag aaaatagagt tggagccatc tgaacccact ctggtctgag ggtatacagg 840  
 35 cttttcacaa tatttgccat agttgaaggt gtgacctgaa atggtgttga ctgggcttct 900  
 aaaagtaaag gcattaggcc gtaaattgtc tttctgcaa catgttccgt aaacagcttt 960  
 ataagggcac ctttaagccc gggttaagctg gtccatggga acctatcggt tttg 1014

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

40

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1171 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 45 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```

10 cacc aaatta atcagg tttta cagacagg gt cccacc ggta ttcacatt ct tgtagt gat 60
   cagatgggtt c agaattttt ca agatgagagt tgttttttat tctccacagt aaaagctgaa 120
   agtagtgatg gcatccacat aatttttgaaa tgatgtctta tatagactga actgtattca 180
   gtaccaaata gtcacgctta aaagtgtgtg aagactgaat ccaagaagtc ttgggattgg 240
   attttaccat atgaaatgtt tcatattgaa aacacaagat gacctttcta atgagctgta 300
   tgagagggtga atctcctcac tgtcactgcc atagccaagc atcctcatga gagtgcacac 360
15 atcggcacag catgcatcca gctctggagg ccacggtgca ggcatagctg cctgctgctc 420
   tggcagaggc cagtaaatac agttcctaga agcagccttt gctgtctttt tacactgtat 480
   gcggttttga aatgaatgta gaaacttact gtgggcattt acctttctgt gccagtttgg 540
   cttttattgc ctgaacctta tgcagacctg gagaggagat gggggacagt gctgttgg 600
   ggccagcagt gaactctgtat gcggagagtt gtgttgtgct gatgtggccg ttgggtgg 660
20 ggtaagaggc tcggcacctt cttggaagaa atcatgtctg aggggtgtacg tttgatatga 720
   tcatgccaga ttggagaaga tccaagccag gaagatgggc ttgaagcaaa ctgcattatc 780
   aggagtacct tggtgagagg atcagtgtaa atcctaatag gtacaaagac ttttgtgttt 840
   tggcctttgtc acagattttat tgaaaaactt ttttgcttct gcttccattt ttagcatttt 900
   agtttctggt tttcattttt ggagattcct tgccttttaa actcgtgggt tttctctcat 960
25 tttcttcctt ctctccctcc atctctgacc acccccaccc taacccccca ccccaccat1020
   cctattaaac atttttaaag ccctacccca gacattggga aatagggtga cccaagtagg1080
   gggggaggaa agtattgatt tgtttgata ggcttgtgga ttaggggtgtt aaggggttct1140
   tgattatgg aacaagggtg aattttttt g 1171

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 353 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```

55 ggccgggacg cagg gcaaag cgagccatgg ctgtctacgt cgggatgctg cgcctgggga 60
   ggctgtgcgc cgggagctcg ggggtgctgg gggcccgggc cgccctctct cggagttggc120
   aggaagccag gttgcagggt gtccgcttcc tcagttccag agagggtgat cgcattggtct180

```

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```

10  caccaaatta atcagggtta cagacagggt cccaccggta ttcacattct tgttagtgat 60
    cagatggttc agaattttca agatgagagt tgttttttat tctccacagt aaaagctgaa 120
    agtagtgatg gcatccacat aattttgaaa tgatgtctta tatagactga actgtattca 180
    gtaccaataa gtcacgctta aaagtgtgtg aagactgaat ccaagaagtc ttgggattgg 240
    attttaccat atgaaatggt tcatattgaa aacacaagat gacctttcta atgagctgta 300
    tgagagggtga atctcctcac tgtcactgcc atagccaagc atcctcatga gagttagcac 360
15  atcggcacag catgcatcca gctctggagg ccacgggtgca ggcatagctg cctgctgctc 420
    tggcagaggc cagtaaatac agttcctaga agcagccttt gctgtctttt tacactgtat 480
    gcggtttgga aatgaatgta gaaacttact gtgggcattt acctttctgt gccagtttgg 540
    cttttattgc ctgaacctta tgctgacctg gagaggagat gggggacagt gctgttgg 600
    ggccagcagt gaatctgtat gcggagagtt gtgttgtgct gatgtggccg ttggtgtgca 660
20  ggtaagaggc tcggcacctt cttggaagaa atcatgtctg aggggtgtacg tttgatatga 720
    tcatgccaga ttggagaaga tccaagccag gaagatgggc ttgaagcaaa ctgcattatc 780
    aggagtacct tggtagagg atcagtgtaa atcctaatag gtacaaagac ttttgtgttt 840
    tggctttgtc acagatttat tgaaaaactt ttttgcttct gcttccattt ttagcatttt 900
    agtttctggt tttcattttt ggagattcct tgccctttta actcgtggtt tttctctcat 960
25  tttcttccct ctctccctcc atctctgacc acccccaccc taacccccca cccccaccat 1020
    cctattaaac atttttaaag ccctacccca gacattggga aataggtgga cccaagtagg 1080
    gggggaggaa agtattgatt tgtttggata ggcttggtga ttaggtgtt aagggttct 1140
    tggattatgg aacaagggtg aatttttttt g
                                                    1171

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 353 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```

55  ggccgggacg cagggcaaag cgagccatgg ctgtctacgt cgggatgctg cgcctgggga 60
    ggctgtgcgc cgggagctcg ggggtgctgg gggcccgggc cgccctctct cggagttggc 120
    aggaagccag gttgcagggt gtccgcttcc tcagttccag agaggtggat cgcattggtct 180

```

```
ccacgcccac cggaggcctc agctacgttc aggggtgcac caaaaagcat cttaacagca240
agactgtggg ccagtgcctg gagaccacag cacagaggtt cccagaacga gaggccttgg300
tcgtcctcca tgaagacgtc aggttgacct ttgcccaact caaggaggag tgg          353
```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 205 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

30 cggctgagcg gccccgcagc caacccccga ggagcgcccg gctggcgctc cgctggcgcc 60  
caggagtgg ggatgtccta caaacccatg cggccctggc tgcccagcag cccccctgg120  
tctgccaggc accccctggg gcccggggca ccccggttcc ctgacaggga ggcgtgcgcg180  
tgcgccgtgc ggggctgcag tgtcc 205

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 211 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:



ccacgcccac cggaggcctc agctacgttc aggggtgcac caaaaagcat cttaacagca240  
agactgtggg ccagtgcctg gagaccacag cacagagggg cccagaacga gaggccttgg300  
tcgtcctcca tgaagacgtc aggttgacct ttgcccaact caaggaggag tgg 353

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 205 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

30 cggctgagcg gccccgcagc caacccccga ggagcggccg gctggcggtgc cgtgggcgcc 60  
caggagtggg ggatgtccta caaacccatg cggccctggc tgcccagcag cccccctgg120  
tctgccaggc accccctggg gcccggggca ccccgggtcc ctgacaggga ggcgtgcgcg180  
tgcccgctgc ggggctgcag tgccc 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 211 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 aaatcacctt acaaccatt tctcagaaca tgtttctatt gttaaacaac acacaactat 60  
 tttatttatg tgttttatgt atgcctgac accaatatca ataactgaaa cacagcagtt120  
 tagtaataat ttaatacaca ccataacctg cctattgaga atggcattat atttgttttc180  
 attgtagtgg ctccatccaa aataaaatga t 211

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 867 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

35 gtcttcccaa gatggagatg ctaacgaaac tgagaagggg gcgtatgttt gacgaagggt 60  
 tgtgcaagtc aggcccttct ggaacacagc agggcctaca acgaggggcc tttgcgatgg120  
 gctgtgagga tgggggtggt ggaagaatt ggccacgtta gagaccccat gccacccac180  
 catggtgagt gctctgtgcc tctgtctcac ctgtggtgag tggcgagct gggcgagctg240  
 ggcgagctgg gctggggaga gcctgtgagg accgagagga gaaatgagaa gaaggaaaca300  
 aaatattatt tctatgtaat ttatatTTTA cttatgccaa attatttatg ataatttgcc360  
 40 attgctatac tgtaccagtg tcaaagtctg cagcctgcca agctgtgatt ttgtgaggct420  
 tgtccctatg taggatgcac cgcaggcccc tggccactga aagagtgtgc agtggactgt480  
 ggggtctcca tatgcggtgc cgcccaaagg tggctttgcc tcaagcaacc taccctgatg540  
 ttttactcat tggaatgttt ttccccgatt gtggatgact tcttttctga tggagagagt600  
 ccaggaggga tggaaaacgc ctggatttaa gctcagcatc ccccatatgg gcttttcgat660  
 45 catcttcagg cctgaagctg caccgacctg agttcgctc catttatcag ccctctttgt720  
 gctgtctcct gccaccttg ggttcctgct ggggacctg tgtggttg gcatgtgtga780  
 gcagaaggga ggatgaggaa aaaagagaag gaaaccccc ttagtgacaa gtgttttttt840  
 gagttgccag gttttgccat catataa 867

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 257 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 aaatcacctt acaaccatt tctcagaaca tgtttctatt gttaaacaac acacaactat 60  
 tttatattatg tgttttatatt atgcctgac accaatatca ataactgaaa cacagcagtt120  
 tagtaataat ttaatacaca ccataacctg cctattgaga atggcattat atttgttttc180  
 attgtagtgg ctccatccaa aataaaatga t 211

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 867 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

35 gtcttcccaa gatggagatg ctaacgaaac tgagaagggg gcgtatgttt gacgaagggt 60  
 tgtgcaagtc aggcccttct ggaacacagc agggcctaca acgagggggc tttgcgatgg120  
 gctgtgagga tgggggtggt ggaagaatt ggccacgtta gagaccccat gccacccac180  
 catggtgagt gctctgtgcc tctgtctcac ctgtggtgag tgggagagct gggcagctg240  
 ggcgagctgg gctggggaga gcctgtgagg accgagagga gaaatgagaa gaaggaacaa300  
 aaatattatt tctatgtaatt ttatatttta cttatgccaa attatttatg ataatttgcc360  
 40 attgctatac tgtaccagtg tcaaagtctg cagcctgcc aagctgtgatt ttgtgaggct420  
 tgtccctatg taggatgcac cgcaggcccc tggccactga aagagtgtgc agtgactgt480  
 ggggtctcca tatgcggtgc cgcacaaagg tggctttgcc tcaagcaacc taccctgatg540  
 ttttactcat tggaaatgtt ttccccgatt gtggatgact tcttttctga tggagagagt600  
 ccaggagga tggaaaacgc ctggatttaa gctcagcatc cccacatgg gcttttcgat660  
 45 catcttcagg cctgaagctg caccagctga agttcgctg catttatcag ccctctttgt720  
 gctgctcctt gccaccttgg ggttcctgct ggggacctg tgtggttggt gcatgtgtga780  
 gcagaaggga ggatgaggaa aaaagagaag gaaacccccg ttagtgacaa gtgttttttt840  
 gagttgccag gttttgccat cattaata 867

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 257 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

20

```
aattcagact cccattctta acttggcatt tttgtagctt acaggaacca gcttgggtga 60
ccttctctta tgagatgcag ctggaaagcc atttatgcaa gaggtggttt cacttttgtc120
gctcctccat tcattgaccc ttcagccttt aaaaaattag aatgtgaaaa ttagtagcaa180
agagtgcaga gatattagct taagggataa ataaatgaaa gtagcaagta gtcattatt240
tatgaagagt aataatt 257
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 204 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

50

```
gactggctca tggcctctgt aaatggctgc tggcgggact gtctgcctag cgggtgccct 60
tggaacctag cccttgggtg gttttgagga aatgattcct gaatgaggag tcgattgccg120
tgtgaaggcg tgggtggcacg gcaccgcgct gagctacgcg tgccctcagt gcgcttctgg180
attgactggc catgggtgct caca 204
```

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

20

```
aattcagact cccattctta acttggcatt tttgtagctt acaggaacca gcttgggtgta 60
ccttctctta tgagatgcag ctggaaagcc atttatgcaa gagtggtgtt cacttttgtc120
gtccctccat tcattgaccc ttcagccttt aaaaaattag aatgtgaaaa ttagtagcaal80
agagtgcaga gatattagct taagggataa ataaatgaaa gtagcaagta gtcattatt240
tatgaagagt aataatt                                     257
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 204 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

50

```
gactggctca tggcctctgt aaatggctgc tggcgggact gtctgcctag cgggtgccct 60
tggaacctag cccttgggtgg gttttgagga aatgattcct gaatgaggag tcgattgccg120
tgtgaagggc tggtagcacg gcacccgcgt gagctacgag tgccctcagt gcgcttctgg180
attgactggc catgggtgct caca                                     204
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 245 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

25 ttgcacatg gtaaactgg ataatacagt atcatttttg agcagttttt taaatgtaaa 60  
tctgtatctt actcagagtg tgtgtctgaa gttattaagg acatttccca acgttactgg120  
ccattttccc ttgtaatca gaggaattct gttcaagat tattgttgtg tgtgatctgt180  
ggctcttgat cagaatgaag ttaaattggc acaggaggat taagctatga ggttggcatt240  
tttca 245

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 245 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

```

25  ttgcaccatg gtaaactgtg ataatacagt atcatttttg agcagttttt taaatgtaaa 60
    tctgtatctt actcagagtg tgtgtctgaa gttattaagg acatttccca acgttactgg120
    cccatttccc tttgtaatca gaggaattct gtttcaagat tattgtttgt tgtgatctgt180
    ggctcttgat cagaatgaag ttaaatggcc acaggaggat taagctatga gggtggcatt240
    tttca                                     245
  
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

5  ggggagggac gagtatggaa cccatgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
   gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
   tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
   atcccctctg gaggggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
   ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
   gtgatttccc ttagggcccag gacttgggcc tccagctcat ctgttccttc tggggccatt 360
   catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
10 gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
   tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
   gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt cttgaaatgc attccatgat 600
   attaggaagt cgggggtggg tgggtgggtg gggctagtgt ggtttgaatt taggggccga 660
   tgagcttggg tacgtgagca ggtgttaag ttagggtctg cctgtatttc tgggtcccctt 720
15 ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcaccag gtccatatcg tgcccagaaa 780
   agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgcctggt 840
   gccagtgcac ctgggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttggtggc 900
   tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
   gagttggctg gttaggcctt cttagaggttc agaataatag cttcaggatc agctgggggt 1020
20 atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
   tgagggacag tttgggtttg ggacttacca gggatgatgt agatctggaa cccccaagt 1140
   aggctggagg gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaatg 1200
   aaagagtgc cttagagggc tccttgggcc tcaggaaatgc tcctgctgct gtgaagatga 1260
   gaagggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgtg 1320
25 ctgggtccct tgtagcacag gagactgggg ctaaggggccc ctcccaggga agggacacca 1380
   tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccagagg 1440
   actagcagga ggagccttg agaaaccggc agttcccaag ccagcgcctg gctgttctct 1500
   cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg 1560
   cctcttgcc cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttctct cattcatctg 1620
30 caaaaaaaaa aattttc 1637

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 260 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

```

55  aaaagcatag ctcactctgt aataggctat ttcatgatt tcaagtgggt ttatgaagaa 60
   acagaaagca gtgatgatgt tgaagtgctg actctcaaga aattcaaagg agacctggcc 120

```



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

5  ggggaggagac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
   gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
   tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctccagg ccagctcaag gtgtccact 180
   atcccctctg gaggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
   ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
   gtgatttccc ttaggcccag gacttgggccc tccagctcat ctgttccttc tggggccatt 360
   catggcagggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
10  gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
   tacttggttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
   gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttcaggt cttgaaatgc attccatgat 600
   attaggaagt cgggggtggg tgggtggtgg gggctagtgt ggtttgaatt taggggccga 660
   tgagcttggg tacgtgagca ggggtgtaag ttagggtctg cctgtatttc tgggtccctt 720
15  ggaaatgtcc ccttcttcag tgcagacct cagtccaggt gtccatatcg tgcccagaaa 780
   agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgcctggt 840
   gccagtgac ctgggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttggtggc 900
   tgtgattcag gtcccagggt gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
   gaggttggct gtagagcctt ctagaggttc agaattattg cttcaggatc agctgggggt1020
20  atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg1080
   tgagggacag tttgggtttg ggacttacca ggggtgatgtt agatctggaa cccccaagt1140
   aggctggagg gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaatg1200
   aaagagtgc cttagagggt tccttggggc tcaggaatgc tcctgctgct gtgaagatga1260
   gaagggtgct ttactcagtt aatgatgagt gactatatct accaaagccc ctacctgctg1320
25  ctgggtccct tgtagcacag gagactgggt ctaaggggccc ctcccaggga agggacacca1380
   tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccagagg1440
   actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttccaag ccagcgctg gctgttctct1500
   cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg1560
   cctcttgct cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttcctg cattcatctg1620
30  caaaaaaaaa aattttc

```

1637

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 260 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

55

```

aaaagcatag ctcactctgt aataggctat ttctatgatt tcaagtgggt ttatgaagaa 60
acagaaagca gtgatgatgt tgaagtgtct actctcaaga aattcaaagg agacctggcc120

```

tacagacgac aagagtatca ggtagaattc aacatatggt gcttgaagtg ggctcttgtt180  
 ttatcagtta tggcatatgt aaataacagt gtaccaagtt agtgtggtgt ttatgaagat240  
 gagtttaatc ttttgtgatg 260

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 957 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

30 ggggaatttg tcttttgaaa gcttgtgcaa cctctacaac tggcgataca agaactctagg 60  
 aaacttaccc catgtgcagc tcttgccaga gttagtagta gcaaatgctg gcttactgta120  
 tgacttccag ctcatatg ttgaagatt tcaaggagt ggagaatctg aacctaattc180  
 ttacttctat cagaatcttg gagaggcaga atatgtagta gcacttttta tgtacatgtg240  
 tttacttggg taccctgctg acaaaatcag tattctaaca acatataatg gccaaaagca300  
 tcttattcgc gacatcatca atagacgatg tggaaacaat ccattgattg gaagaccaa360  
 35 caaggtgaca actgttgata gatttcaagg tcaacagaat gactatattc ttctttctct420  
 ggtacgaacc agggcagtg gccatctgag ggatgtccgt cgcttggttag tggccatgtc480  
 tagagccaga cttggacttt atatcttcgc cagagtatcc ctcttccaaa actgttttga540  
 actgactcca gcttctcagc agctcacagc tcgccccctt catttgcata taattccaac600  
 agaacccttc ccaactacta gaaagaatgg agagagacca tctcatgaag tacaataat660  
 40 aaaaaatatg cccagatgg caaactttgt atacaacatg tacatgcatt tgatacagac720  
 tacacatcat tatcatcaga ctttattaca actaccacct gctatggtag aagaggggta780  
 ggaagttcaa aatcaagaaa cagagttgga aacagaagaa gaggccatga ctgttcaagc840  
 tgacatcata ccaggtccaa cagacaccag ctgccgtcaa gaaactccag cctttgagcg900  
 tgagagccgc cccggtgggg aaggggcaat tgcgttgggg gggcttgggt gtttttt 957

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 760 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

tacagacgac aagagtatca ggtagaattc aacatatggt gcttgaagtg ggctcttggt180  
 ttatcagtta tggcatatgt aaataacagt gtaccaagtt agtggtgtgt ttatgaagat240  
 gagtttaatc tttgtgatg 260

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 957 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

30 ggggaatttg tctttgaaa gcttgtgcaa cctctacaac tggcgataca agaacttagg 60  
 aaacttacc catgtgcagc tcttgccaga gttagtagta gcaaatgctg gcttactgta120  
 tgacttccag ctcatatg ttgaagatt tcaaggagt ggagaatctg aacctaattcc180  
 ttacttctat cagaatcttg gagaggcaga atatgtagta gcacttttta tgtacatgtg240  
 tttacttggt taccctgctg acaaaatcag tattctaaca acatataatg gccaaaagca300  
 tcttattcgc gacatcatca atagacgatg tggaaacaat ccattgattg gaagacccaaa360  
 35 caaggtgaca actggtgata gatttcaagg tcaacagaat gactatattc ttctttctct420  
 ggtacgaacc agggcagtg gccatctgag ggatgtccgt cgcttggttag tggccatgtc480  
 tagagccaga ctgggacttt atatcttcgc cagagtatcc ctcttccaaa actgttttga540  
 actgactcca gctttcagtc agctcacagc tcgccccctt catttgcata taattccaac600  
 agaacttttc ccaactacta gaaagaatgg agagagacca tctcatgaag tacaataat660  
 40 aaaaaatatg cccagatgg caaaccttgt atacaacatg tacatgcatt tgatacagac720  
 tacacatcat tatcatcaga ctttattaca actaccacct gctatggtag aagaggggtga780  
 ggaagttcaa aatcaagaaa cagagttgga aacagaagaa gaggccatga ctgttcaagc840  
 tgacatcata ccaggtcaa cagacaccag ctgccgtcaa gaaactccag cctttgagcg900  
 45 tgagagccgc cccggtgggg aaggggcaat tgcgttgggg gggcttgggt gtttttt 957

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 760 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

```

15  gtggaataca atagatatta atttgtggtt ggtttttctg cctgctttaa atgaaatgta 60
    ttatgtttct gggttccttt tttagctgta aaaatacttc gtcactaaag catgaaattt120
    aatcagcagt tgttcttcaa gttcctgaaa gctataaaag tttctcatga cttgagtgg180
    tttttccctg cccaccagag gagaaagccc ttgtagaatt ctgcagtgtt acaagtgttc240
    cctacaaaaa ctgaaaccat cagctcctct ttaacaagtt ggctttttaa aagcacgtaa300
20  ttacaattta atgggtattct gtaaagtggg gctctaggca taatttaa at tctttttaat360
    gactatattt cttcaaaact ttgaaagaaa aatgtgttct ttttgctgca tcctttgtaa420
    gaagactgcc aacagaggaa aaaggacttt acaaattaag accatcttgg tttcatttcc480
    acaaagatga gaacaaatca tgggtgtagg aaaggatcct tagaagaaca caagaatttg540
    aaagcccttg gtggttatca ctactatatt tcatatttcc acagaagtga cttagccaag600
25  ctctgcattt tgagcctgct gactttcatt taaaaggaaat gaaaggctga aaatccaggc660
    tgctgtgtct gtagataaag gtcaaaccat gtttgagttc ttcactgttg tgtccaccta720
    aataaaactg agtaagtaat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 760

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

aggaaccctc cggcctagaa gttcagatgt cttgccaata tatctgtgct tcacaacttg 60
cctactctct ctgacccta acattttcac atacttttcc aattctgcct gtcataaatt120

```

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

```
15  gtggaataca atagatatta atttgtggtt gggttttctg cctgctttaa atgaaatgta 60
    ttatgtttct gggttccttt tttagctgta aaaatacttc gtcactaaag catgaaattt120
    aatcagcagt tgttcttcaa gttcctgaaa gctataaaaag tttctcatga cttgagtgggt180
    tttttccctg ccacacagag gagaaagccc ttgtagaatt ctgcagtgtt acaagtgttc240
    cctacaaaaa ctgaaacccat cagctcctct ttaacaagtt ggctttttta aagcacgtaa300
20  ttacaattta atgggtattct gtaaagtggg gctctaggca taatttaaat tctttttaat360
    gactatattt cttcaaaact ttgaaagaaa aatgtgttct ttttgctgca tcctttgtaa420
    gaagactgcc aacagaggaa aaaggacttt acaaattaag accatcttgg tttcatttcc480
    acaaagatga gaacaaatca tgggtgttagg aaaggatcct tagaagaaca caagaatttg540
    aaagcccttg gtgggttatca ctactatatt tcatatttcc acagaagtga cttagccaag600
25  ctctgcattt tgagcctgct gactttcatt taaaaggaat gaaaggctga aaatccaggc660
    tgctgtgtct gtagataaag gtcaaaccat gtttgagttc ttcactgttg tgtccacct720
    aataaaactg agtaagtaat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 760
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```
aggaaccctc cggcctagaa gttcagatgt cttgccaata tatctgtgct tcacaacttg 60
cctactctct ctgacccta acattttcac atacttttcc aattctgcct gtcataaatt120
```

tgctgcttcc ccctaagtag aatgttgatt cctgtcaaac acacagccta gccctgattc180  
 ctccctcttct ctcaagcagt gatattgtca acaatgataa acaactacta tgtactgagt240  
 gtttttttat gtgctgtctca cactttatac acatgtatag 280

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 461 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

30 ggggcccgtc gaggaagca cccgccggtt ggcgaagtc cacgaagccg ccctctgcta 60  
 gggaaaaccc ctggttctcc atgccacacc tctctccagg tgccctctgc ctcttcaccc120  
 cacaagaagc cttatcttac gtcttctctt ccatctatcg gaccccagtt tccatcacta180  
 tctccagaga tgtagctatt atgcgcccggt ctacaggggg tgcccgacga tgacgggtgcc240  
 ttgcagtc aattactctt cgggtcccaa gggttggtt tcacgcgctc cattgccccg300  
 gcgtggcagg ccattccaag cccttccggg ctggaactgg tgtcggagga gcctcgggtg360  
 35 tatcgtagc cctggtgttg gtgttgctc actcctctga gctcttctt ctgatcaagc420  
 cctgcttaaa gttaaataaa atagaatgaa tgataccccg g 461

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 436 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

tgctgcttcc ccctaagtag aatgttgatt cctgtcaaac acacagccta gccctgattc180  
 ctccctcttct ctcaagcagt gatattgtca acaatgataa acaactacta tgtactgagt240  
 gtttttttat gtgctgtca cactttatac acatgtatag 280

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 461 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

30 ggcggccgctc gaggggaagca cccgccggtt ggccgaagtc cacgaagccg ccctctgcta 60  
 gggaaaaccc ctggttctcc atgccacacc tctctccagg tgccctctgc ctcttcaccc120  
 cacaagaagc cttatcctac gtcttctctt ccatctatcg gaccccagtt tccatcacta180  
 tctccagaga tgtagctatt atgcgcccggt ctacaggggg tgcccgacga tgacggtgcc240  
 ttgcgcagtca aattactctt cgggtcccaa ggtttggtt tcacgcgctc cattgccccg300  
 35 gcgtggcagg ccattccaag cccttcgggg ctggaactgg tgtcggagga gcctcgggtg360  
 tatcgtagcg cctggtgttg gtgttgccct actcctctga gctcttcttt ctgatcaagc420  
 cctgcttaaa gttaaataaa atagaatgaa tgataccccg g 461

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 436 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

10 caaagatgtc atgtggccag aatcatcttt tagtctcacc actccacact gatggtcaca 60  
tagaggtgtg agttgggaag ttgttaaata caagagggtt tgagcttctg gagaagagga120  
aaatgtaaaa gtattttttc ctttaagaaa gataaaaagg taagcctaaa ccttggcggc180  
caccgaagtc agctgttacg catgtgtagt taaatttcac tgtaaattatt tcataagggt240  
tcttagaatg gagccagggt gacatcacag cccaactgt accaaaggaa ccatttcatt300  
caaataagcc aacatttcca aagaaacacg aatgtctatg gcagagttaa cataagggtca360  
15 gaaaatcctc tggaagaaat ttcggtatca atgtttataa tctctgcatt taggggtttg420  
ccagtttggg caaaaa 436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

ctttaaagta gggctgtgga agggggatat agtagagggg gagagggctg ttttatacac 60  
gtataaatgg tatacaccat ttatacacgg tggtcagaga agctctgac aggtgacgta120  
45 tgtacagaaa gtcactgtgg cctgagtaga gtcaaggaga aggagcagca agagttgagc180  
ttagggaggt ggagaagggg tggaatagat caagcaagac cttggccctg gtagggatct240  
gggatttaaa gtgagaggac aaccgttggg atgttgtgag cacagaa 287

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 555 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear



(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

10 caaagatgtc atgtggccag aatcatcttt tagtctcacc actccacact gatggtcaca 60  
tagaggtgtg agttgggaag ttgttaaata caagagggtt tgagcttctg gagaagagga120  
aaatgtaaaa gtattttttc ctttaagaaa gataaaaagg taagcctaaa ccttggcggc180  
caccgaagtc agctgttacg catgtgtagt taaatttcac tgtaaattatt tcataagggt240  
tcttagaatg gagccagggt gacatcacag cccaactgt accaaaggaa ccatttcatt300  
caaataagcc aacatttcca aagaaacacg aatgtctatg gcagagttaa cataagggtca360  
15 gaaaatcctc tggaagaaat ttcggtatca atgtttataa tctctgcatt taggggtttg420  
ccagtttggg caaaaa 436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

ctttaaagta gggctgtgga agggggatat agtagagggg gagagggctg ttttatacac 60  
gtataaatgg tataccat ttatacacgg tggtcagaga agctctgac aggtgacgta120  
45 gtacagaaa gtcactgtgg cctgagtaga gtcaaggaga aggagcagca agagttgagc180  
ttagggaggt ggagaagggg tggaatagat caagcaagac cttggccctg gtagggatct240  
gggatttaaa gtgagaggac aaccgttggg atgttgtgag cacagaa 287

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 555 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

20 ggcgacgcct cgggtactgac ctctgcagag ccgggtggag cccattgacg tccagcgaac 60  
gaggagcagc gatggacggt cgggtgcagc tgataaaggc cctcctggcc ttgccgatcc120  
ggcctgcgac gcgtcgctgg aggaaccgga ttccctttcc cgagacgttt gacggcgata180  
ccgaccgact ccggaggttc atcgtgcaga cgggctccta catgttcgtg gacgagaaca240  
cgttctccag cgacgccctg aaggtgacgt tcctcatcac ccgcctcaca gggcccgccc300  
tgcagtgggt gatccctac atcaagaagg agagcccccct cctcaatgat taccggggct360  
ttctggccga gatgaagcga gtctttggat gggaggagga cgaggacttc tagggcggga420  
25 gaccctcggg cctgggggcg ggtgctctgg ggagggtccg ctgtgttact ggccgcgcc480  
agggtcgcca ccggcgccct ccctccgcga gtccctcccc ctcgaaaccg ccgcgaagtc540  
ccctgcggtg ctgtt 555

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

agtgagaaag cagggactct tcggcctagg cagccgggac ccagccagcc ctgcgcctcg 60  
cgccgtcgcg catgcgtcct ggtctttctc tagagttgta tatatagaac atcctggagt 120

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

ggcgacgcct cgggtactgac ctctgcagag ccgggtggag cccattgacg tccagcgaac 60  
gaggagcagc gatggacggt cgggtgcagc tgataaaggc cctcctggcc ttgccgatcc120  
20 ggcctgcgac gcgtcgctgg aggaaccgga ttccctttcc cgagacgttt gacggcgata180  
ccgaccgact cccggagttc atcgtgcaga cgggctccta catgttcgtg gacgagaaca240  
cgttctccag cgacgccctg aaggtgacgt tctcatcac ccgcctcaca gggcccgccc300  
tgacgtgggt gatccctac atcaagaagg agagccccct cctcaatgat taccggggct360  
ttctggccga gatgaagcga gtctttggat gggaggagga cgaggacttc taggccggga420  
25 gaccctcggg cctgggggcg ggtgctctgg ggagggtccg ctgtgttact ggccgcgcc480  
agggtcgcca ccggcgccct ccctccgcga gtcctcccc ctcgaaaccg ccgcgaagtc540  
cctgcggtg ctggtt 555

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

agtgagaaag cagggactot tcggcctagg cagccgggac ccagccagcc ctgcgcctcg 60  
cgccgtcgcg catgcgtcct ggtctttctc tagagttgta tatatagaac atcctggagt 120

```

ccaccatgaa cggacagttg gatctaagtg ggaagctaata catcaaagct caacttgggg 180
aggatattcg gcgaattcct attcataatg aagatattac ttatgatgaa ttagtgctaa 240
tgatgcaacg agttttcaga ggaaaacttc tgagtaatga tgaagtaaca ataaagtata 300
aagatgaaga tggagatctt ataacaattt ttgatatgtc tgacctttcc tttgcaattc 360
5 agtcagtag gatactgaaa ctgacattat ttgttaatgg ccagccaaga ccccttgaat 420
caagtcaggt gaaatatctc cgtcgagaac tgatagaact tcgaaataaa gtgaatcggt 480
tattggatag cttggaacca cctggagaac caggaccttc caccaatatt cctgaaaatg 540
atactgtgga tggtagggaa gaaaagtctg cttctgattc ttctggaaaa cagtctactc 600
aggttatggc agcaagtatg tctgcttttg atcctttaaa aaaccaagat gaaatcaata 660
10 aaaatgttat gtcagcgttt ggcttaacag atgatcaggt ttcaaggcca cccagtgtc 720
ctgcagaaga tcgttcagga acacccgaca gcattgcttc ctctctctca gcagctcacc 780
caccaggcgt tcagccacag cagccaccat atacaggagc tcagactcaa gcaggtcaga 840
ttgaaggcca gatgtaccaa cagtaccagc aacaggccgg ctatggtgca cagcagccgc 900
aggtcccacc tcagcagcct caacagtatg gtattcagta ttcaagcagc tatagtcagc 960
15 agactggacc tcaacaacct cagcagttcc agggatatgg ccagcaacca acttcccagg 1020
caccagctcc tgccttttct ggtcagcctc aacaactgcc tgctcagccg ccacagcagt 1080
accaggcgag caattatcct gcacaaactt acactgccc aacttctcag cctactaatt 1140
atactgtggc tcctgctctc caacctggaa tggctccaag ccaacctggg gcctatcaac 1200
20 caagaccagg ttttacttca cttcctggaa gtaccatgac cctcctcca agtgggccta 1260
atccttatgc gcgtaacctg cctccctttg gtcagggcta taccacacct ggacctggt 1320
atcgataagg aggtcctctc acaccaatta atgtagctgc tagctattgg cctcccaaaa 1380
gactccagta ctattttaat ttgtattgaa gaagttcaga aatttaaaag cagagcattt 1440
tttatgatat cattgttggg gttaattgaa agtataattt gctggaacac aaagaccaa 1500
25 atgaaagttt tttcctccct gcttaaaaat gtagcagctt cttagttact ttggaacact 1560
actcttacat gtataaagtg attgacttga ctttctagct tcccttgtcc ggaggatatt 1620
aaaatgcttg ggtgaggttt agccatctta cttggctttt tactattaac atgatgtact 1680
aagtagagc cctttgagaa tacaagatat tatgtataaa atgtaacact gatgataggt 1740
taataaagat gattgaatcc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaca 1790

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2357 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```

55 ctgcagccga atcggtctga gcgcagacct gcagcgggca aagagctccc gaggaagcac 60
agcttggtgc aggttcttgc ctttcttaat gttagagaca gctaccggaa ggaggggaac 120
aaggagttct cttccgcagc ccttttcccc acgcccacc ccagtctcca gggacccttg 180
cctgcctcct aggtctggaag ccatgggtccc gaagtgtagg gcaagggtgc ctcaggacct 240

```

```

ccaccatgaa cggacagttg gatctaagt ggaagctaatt catcaaagct caacttgggg 180
aggatattcg gcgaattcct attcataatg aagatattac ttatgatgaa ttagtgctaa 240
tgatgcaacg agttttcaga ggaaaacttc tgagtaatga tgaagtaaca ataaagtata 300
aagatgaaga tggagatcct ataacaattt ttgatagttc tgacctttcc tttgcaattc 360
5 agtgcagtag gatactgaaa ctgacattat ttgttaatgg ccagccaaga ccccttgaat 420
caagtcaggt gaaatatctc cgtcgagaac tgatagaact tcgaaataaa gtgaatcggt 480
tattggatag cttggaacca cctggagaac caggaccttc caccaatatt cctgaaaatg 540
atactgtgga tggtagggaa gaaaagtctg cttctgattc ttctggaaaa cagtctactc 600
aggttatggc agcaagtatg tctgcttttg atcctttaaa aaaccaagat gaaatcaata 660
10 aaaaagtatt gtcagcgttt ggcttaacag atgatcaggt ttcagggcca cccagtgtct 720
ctgcagaaga tcgttcagga acacccgaca gcattgcttc ctctctctca gcagctcacc 780
caccaggcgt tcagccacag cagccaccat atacaggagc tcagactcaa gcaggtcaga 840
ttgaaggcca gatgtaccaa cagtaccagc aacaggccgg ctatgggtga cagcagccgc 900
aggtcccacc tcagcagcct caacagtatg gtattcagta ttacagcaagc tatagtcagc 960
15 agactggacc tcaacaacct cagcagttcc agggatatgg ccagcaacca acttcccagg 1020
caccagctcc tgccctttct ggtcagcctc aacaactgcc tgctcagccg ccacagcagt 1080
accaggcgag caattatcct gcacaaactt acactgcccc aacttctcag cctactaatt 1140
atactgtggc tcctgcctct caacctggaa tggctccaag ccaacctggg gcctatcaac 1200
20 caagaccagg ttttacttca cttcctggaa gtacctgac ccctctcca agtgggccta 1260
atccttatgc gcgtaaccgt cctccctttg gtcagggtta taccacacct ggacctggt 1320
atcgataagg aggtcctctt acaccaatta atgtagctgc tagctattgg cctcccaaaa 1380
gactccagta ctattttaat ttgtattgaa gaagttcaga aatttaaaag cagagcatt 1440
tttatgatat cattgttggg gttaattgaa agtataattt gctggaacac aaagaccaa 1500
25 atgaaagtgt tttcctccct gcttaaaaat gtagcagctt cttagttaact ttggaacact 1560
actcttacat gtataaagtg attgacttga ctttctagct tcccttgctc ggaggatatt 1620
aaaatgcttg ggtgaggttt agccatctta cttggctttt tactattaac atgatgtact 1680
aaagtagagc cctttgagaa tacaagatat tatgtataaa atgtaacact gatgataggt 1740
taataaagat gattgaatcc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaca
1790

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2357 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```

ctcgagccga atcggtctga gcgcagacct gcagcgggca aagagctccc gaggaagcac 60
agcttgggtc aggttcttgc ctttcttaat gttagagaca gctaccggaa ggaggggaac 120
aaggagtctt cttccgcagc ccctttcccc acgcccaccc ccagtctcca gggacccttg 180
cctgcctcct aggttggaag ccatggtccc gaagtgtagg gcaagggtgc ctcaggacct 240

```

```

tttgggtcttc agcctccctc agcccccagg atctgggtta ggtggcgcgt cctccctgct 300
cctcatggga agatgtctca gacccctcca tgacctcccc tccccagccc aatgccaaagt 360
ggacttggag ctgcacaaag tcagcagggg ccaactaaatc tccaagacct ggtgtgcgga 420
ggcaggagca tgtatgtctg caggtgtctg acacgcaagt gtgtgagtggt gagggtgaga 480
gatggggcgg ggggtgtgtct gtaggtgtct ctgggcctgt gtgtgggtgg ggttatgtga 540
gggtatgaag agctgtcttc ccctgagagt ttccctcagaa cccacagtga gaggggaggg 600
ctcctggggc agagaagttc cttagggtttt ctttggaatg aaattcctcc tccccccat 660
ctctgagtag aggaagccca ccaatctgcc ctttgagtg tgaggggtgg aaggtgaagag 720
gttggtgtgg agttggggct gccatagggt ctgcagcctg ctggggctaa gcggtggagg 780
aaggctctgt cactccaggc atatgtttcc ccactctgt ctggggctac agaatagggt 840
ggcagaagtg tcacctgtg ggtgtctccc tcgggggctc ttccctaga cctccccctc 900
acttacataa agctcccttg aagcaagaaa gaggtgcca gggctgcaaa actggaagca 960
cagcctcggg gatggggagg gaaagacggt gctatatcca gttcctgctc tctgctcatg1020
ggtggtctgt acaaccctgg cctcacttga ttcatctctg gttttcttgc caccctctgg1080
gagtcccat cccattttca tcctgagccc aaccaggccc tgccattggc ctcttgtccc1140
ttggcacact tgtaccaca ggtgaggggc aggacctgaa ggtattggcc tgttcaacaa1200
tcagtcatca tgggtgtttt tgtcaactgc ttgttaattg atttggggat gtttgccccg1260
aatgagaggt tgaggaaaag actgtgggtg gggaggccct gcctgaccca tcccttttcc1320
tttctggccc cagcctaggt ggaggcaagt ggaatatctt atattggcg atttggggc1380
tcggggaggc agagaatctc ttgggagttc ttgggtggcg tggtgcattc tgtttcctct1440
tgatctcaaa gcacaatgtg gatttgggga ccaaaggcca gggacacatc ccctagagg1500
acctgagttt gggagagtgg tgagtggagg ggaggagcag caagaagcag cctgttttca1560
ctcagcttaa ttctccttcc cagataaggc aagccagtca tggaatcttg ctgcaggccc1620
tccctctact ctctctgtcc taaaaatagg ggccgttttc ttacacaccc ccagagagag1680
gagggactgt cactctggtg ctgagtgacc gggggctgct gggcgtctgt tctttacca1740
aaccatccat ccctagaaga gcacagagcc ctgaggggct gggctgggct gggctgagcc1800
cctggtcttc tctacagttc acagaggtct ttacagctcat ttaatcccag gaaagaggca1860
tcaaagctag aatgtgaata taacttttgt ggaccaatac taagaataac aagaagcca1920
gtggtgagga aagtgcggtc tcccagcact gcctcctgtt ttctccctct catgtccctc1980
cagggaaaat gactttattg ctttaattct gcctttcccc cctcacacat gcacttttgg2040
gccttttttt atagctggaa aaaacaaaat accaccctac aaacctgtat ttaaaaagaa2100
acagaaatga ccacgtgaaa tttgcctctg tccaaacatt tcatccgtgt gtatgtgtat2160
gtgtgtgagt gtgtgaagcc gccagttcat ctttttataat ggggttgttg tctcattttg2220
gtctgttttg gtccccctcc tcgtgggctt gtgctcgga ccaaagagaa aaacgttttg2280
ggggcttcta atttatcctg aaaaatttaa ctttgagcga aaagggggag tgttttaccg2340
tggggggggta aaataaa

```

2357

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 907 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```

tttgggtcttc agcctccctc agcccccagg atctgggtta ggtggccgct cctccctgct 300
cctcatggga agatgtctca gagccttcca tgacctcccc tccccagccc aatgccaagt 360
ggacttggag ctgcacaaaag tcagcaggga ccactaaatc tccaagacct ggtgtgcgga 420
ggcaggagca tgtatgtctg caggtgtctg acacgcaagt gtgtgagtgt gagtgtgaga 480
5 gatggggcgg ggggtgtgtct gttaggtgtct ctgggcctgt gtgtgggtgg ggttatgtga 540
gggtatgaag agctgtcttc cctgagagt ttcctcagaa cccacagtga gaggggaggg 600
ctcctggggc agagaagttc cttagggtttt ctttggaaatg aaattcctcc tccccccat 660
ctctgagtag aggaagccca ccaatctgcc ctttgcaagt tgcagggtgg aaggtaagag 720
gttgggtgtgg agttggggct gccatagggt ctgcagcctg ctgggggctaa gcggtggagg 780
10 aaggctctgt cactccaggc atatgtttcc ccatctctgt ctgggggctac agaatagggt 840
ggcagaagtg tcacctgtg ggtgtctccc tcgggggctc tccccctaga cctccccctc 900
acttacataa agctcccttg aagcaagaaa gaggtccca gggctgcaa actggaagca 960
cagcctcggg gatggggagg gaaagacggt gctatatcca gttcctgtc tctgctcatg1020
gggtggtgtg acaaccctgg cctcacttga ttcactctctg gttttcttgc caccctctgg1080
15 gagtcccat cccattttca tcctgagccc aaccaggccc tgccattggc ctcttgtccc1140
ttggcacact tgtaccaca ggtgaggggc aggacctgaa ggtattggcc tgttcaaca1200
tcagtcatca tgggtgtttt tgtcaactgc ttgttaattg atttggggat gtttgccccg1260
aatgagaggt tgaggaaaag actgtgggtg gggaggccct gcctgacca tcccttttcc1320
tttctggccc cagcctaggt ggaggcaagt ggaatatctt atattggcg atttgggggc1380
20 tcggggaggc agagaatctc ttgggagtc tgggtggcgc tgggtgcatc tgtttcctct1440
tgatctcaaa gcacaatgtg gatttgggga ccaaaggtca gggacacatc cccttagagg1500
acctgagttt gggagagtgg tgagtggaa gggaggagcag caagaagcag cctgttttca1560
ctcagcttaa ttctccttcc cagataaggc aagccagtca tggaatcttg ctgcaggccc1620
tccctctact cttcctgtcc taaaaatagg gccggtttc ttacacaccc ccagagagag1680
25 gagggactgt cacactggtg ctgagtgaac ggggctgct gggcgtctgt tctttacca1740
aaccatccat ccctagaaga gcacagagcc ctgaggggct gggctgggct gggctgagcc1800
cctggctctc tctacagttc acagaggtct ttcagctcat ttaatcccag gaaagaggca1860
tcaaagctag aatgtgaata taacttttgt ggaccaatac taagaataac aagaagccca1920
gtggtgagga aagtgcgttc tcccagcact gcctcctgtt ttctccctct catgtccctc1980
30 cagggaaaat gactttattg cttaatttct gcctttcccc cctcacacat gcacttttgg2040
gccttttttt atagctggaa aaaacaaaat accaccctac aaacctgtat taaaaagaa2100
acagaaatga ccacgtgaaa tttgcctctg tccaaacatt tcatccgtgt gtatgtgtat2160
gtgtgtgagt gtgtgaagcc gccagttcat ctttttataat ggggttgttg tctcattttg2220
gtctgttttg gtcccctccc tcgtgggctt gtgctcggca ccaaagagaa aaacgttttg2280
35 ggggcttgta atttatcctg aaaaatttaa ctttgagcga aaagggggag tgttttaccg2340
tgggggggta aaataaa 2357

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

### 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 907 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

```

5  gttcattgtc tggcaccaag ctcccttgggg tgaattttct tccaaaagag tccggggagt 60
   ccaggtcctt ctctctggtt actcataacg cggccccatt tctcactccc attgggcgtc120
   gggtttctag agaagccaat cagtgtcgcc gcagttccca ggttctaaag tcccacgcac180
   cccgcgggac tcatattttt cccagacgcg gaggttgggg tcatggcgcc ccgaagcctc240
   ctctgtctgc tctcaggggc cctggccctg accgatactt gggcgggtga gtgcggggtc300
10  cagagagaaa cggcctctgt ggggaggagt gaggggcccg cccggtgggg gcgcaggact360
   cagggagccg cgcccggagg agggctctggc gggctctcagc ccctcctcgc cccagggctc420
   ccactccttg aggtatttca gcaccgctgt gtcgcggccc ggccgcgggg agccccgcta480
   catcgccgtg gagtacgtag acgacacgca attcctgcgg ttcgacagcg acgcccgcgat540
   tccgaggatg gagccgcggg agccgtgggt ggagcaagag gggccgcagt attgggagt600
   gaccacaggg tacgccaagg ccaacgcaca gactgaccga gtggccctga ggaacctgct660
15  ccgcccgtac aaccagagcg aggctggtga gtgaaccggg ccggggggcg aggtcacgag720
   cccccccat ccggcacggg acccccggg tcttcagag ttccgggtgc gaaatgtacc780
   ccgaggagg ggaggcgtt gattgctgga gtggatactg ggggggtttt acgcaggttc840
   attttcagtt taggcaaaaa tcccgcggg ttgggcgggg atgggggggg gttaggtgg900
   cgggggtt
20
907

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1987 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

```

45  aggaggcgtg gggggggggg cgggggagtc agggaagagc accatcgtca agcagatgaa 60
   gatcatccac gaggatggct actccgagga ggaatgccg cagtaccggg cggttgtcta 120
   cagcaacacc atccagtcca tcatggccat tgtcaaagcc atgggcaacc tgcagatcga 180
   ctttgccgac ccctccagag cggacgacgc caggcagcta tttgactgt cctgcaccgc 240
   cgaggagcaa ggcgtgctcc ctgatgacct gtccggcgctc atccggaggc tctgggctga 300
50  ccatggtgtg caggcctgct ttggccgctc aagggaatac cagctcaacg actcagctgc 360
   ctactacctg aacgacctgg agcgtattgc acagagtgc tacatccca cacagcaaga 420
   tgtgctacgg acccgctgaa agaccacggg gatcgtggag acacacttca ccttcaagga 480
   cctacacttc aagatgtttg atgtgggtgg tcagcggctc gagcggaaga agtggatcca 540
   ctgctttgag ggcgtcacag ccatcatctt ctgcgtagct tgagcgcta tgacttggtg 600
55  ctagctgagg acgaggagat gaaccgcatg catgagagca tgaagctatt cgatagcatc 660
   tgcaacaaca agtgggtcac agacacgtcc atcatcctct tctcaacaa gaaggacctg 720
   tttgaggaga agatcacaca cagtcccctg accatctgct tccctgagta cacaggggcc 780

```



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

```

5  gttcattgtc tggcaccaag ctcccttgggg tgaattttct tccaaaagag tccggggagt 60
   ccaggtcctt cttcctggtt actcataacg cgccccatt tctcactccc attgggcgtc120
   gggtttctag agaagccaat cagtgtcgcc gcagttccca ggttctaaag tcccacgcac180
   cccgcgggac tcatattttt cccagacgcg gaggttgggg tcatggcgcc ccgaagcctc240
   ctctgctgc tctcaggggc cctggccctg accgatactt gggcgggtga gtgcggggtc300
   cagagagaaa cggcctctgt ggggaggagt gaggggcccg cccggtgggg gcgcaggact360
10  cagggagccg cgcccggagg agggctctggc ggggtctcagc ccctcctcgc cccagggtc420
   ccactccttg aggtatttca gcaccgctgt gtcgcggccc ggccgcgggg agccccgcta480
   catcgccgtg gagtacgtag acgacacgca attcctgctg ttcgacagcg acgccgcgat540
   tccgaggatg gagccgcggg agccgtgggt ggagcaagag gggccgcagt attgggagt600
   gaccacaggg tacgccaagg ccaacgcaca gactgaccga gtggccctga ggaacctgct660
15  ccgccgtac aaccagagcg aggttgggtga gtgaacccg ccggggggcg aggtcacgag720
   cacccccct cgggcacggg accgcccggg tccttcagag ttccgggtgc gaaatgtacc780
   ccgaggaggg ggaggcgtt gattgctgga gtggatactg ggggggtttt acgcaggttc840
   attttcagtt taggcaaaa tccccgcggg ttgggcgggg atgggggggg gttaggtggg900
   cgggggtt                                     907

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1987 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

```

45  aggaggcgtg gggggggggg cgggggagtc aggggaagagc accatcgtca agcagatgaa 60
   gatcatccac gaggatggct actccgagga ggaatgccg cagtaccgg cggttgtcta 120
   cagcaacacc atccagtcca tcatggccat tgtcaaagcc atgggcaacc tgcagatcga 180
   ctttgccgac ccctccagag cggacgacgc caggcagcta tttgactgt cctgcaccgc 240
   cgaggagcaa ggcgtgctcc ctgatgacct gtccggcgct atccggaggc tctgggctga 300
50  ccattggtgtg caggcctgct ttggccgctc aagggaatac cagctcaacg actcagctgc 360
   ctactacctg aacgacctgg agcgtattgc acagagtga tacatcccca cacagcaaga 420
   tgtgctacgg acccgcgtaa agaccacggg gatcgtggag acacacttca ccttcaagga 480
   cctacacttc aagatgtttg atgtgggtgg tcagcggctc gagcggaaga agtggatcca 540
   ctgctttgag ggcgtcacag ccatcatctt ctgcgtagct tgagcgccta tgacttggtg 600
55  ctactgaggg acgaggagat gaaccgcatg catgagagca tgaagctatt cgatagcatc 660
   tgcaacaaca agtggttcac agacacgtcc atcatcctc tcctcaacaa gaaggacctg 720
   tttgaggaga agatcacaca cagtcacctg accatctgct tccctgagta cacagggggc 780

```

```

aacaaatgatg atgaggcagc cagctacatc cagagtaagt ttgaggacct gaataagcgc 840
aaagacacca aggatgacta cagcacttc acgtgcgcca ccgacaccaa gaacgtgcag 900
ttcgtgtttg acgccgtcac cgtgtcatc atcaagaaca acctgaagga ctgcccctc 960
5 tcttgagggg cagcggggcc tggcgggatg ggccaccgcc gactttgtac cccccaaccc1020
ctgaggaaga tgggggcaag aagatcacgc tccccgcctg ttccccgcc gcttttctcc1080
tctttcctct ctttgttctc agtccccct gtccccctcag ctccagacgt aggggagggg1140
ttgccacagg cctccctgtt tgaagcctgc ccttgtctga gatgctggta atggccatgg1200
taccctctc tgggcatctg ttctggtttt taaccattgt cttgttctgt gatgagggal1260
ggggggcaca tctgtagtct cccaaggctg cgtctggagg ggcccctgct tctccagcct1320
10 ggacccccag ctttgcccaa caccagcccc tgccccagcc caagtccaaa tgtttacagg1380
gagcctcctg cccagtcctc caaccccagc cgctcggagg ccccaaagga aaaagcacaal1440
gaagcgtgag acgccaccat tcctggaaac cacagtccac ctgctcattc tcgtagcttt1500
ttaaaaaaat gaaagtaaag gaaaaaaaaa aaactgcaaa tctagaaaac ttttagaga1560
aaaactatct aaaactgtca gatcctgacc agcaagcgcc cccccagccc cccttccaag1620
15 tgactccgtg ccttgagtgt gtctgcgtgt ttacaccgt cctctgctg gccgcccccg1680
tgcgagcgcc acccctgcc tgcctccac agaattgggt tccaagggt gttccagaca1740
actgccaacg tcaactgagg cctgcccc gcgccctgg cccaggtc tattaacctal1800
aaatgtagct ccctagcgt aacctaggaa ccgcccgtgc ctgctggggg gccacgcccc1860
tcatgccctt gtcccaggcc cggggccttc agcgttgaac acttccttgc tttttcacal1920
20 tgttttatgg aattgttcac ctggtttgaa ataataaaat gtagaaagga aaaaaaaaaa1980
aaaaaaa
1987

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

```

gtccagaagc aaaaattaag ttccccaagt tttccatgcc caagatcgcc atcccaggtg 60
tgaaaatggg ggggtggggg gccgaggtcc atgccagct accctctctt gaaggagact 120
tgagaggacc agatgttaag ctgaagggc ccgatgttct tctaaagggg ccaggagtag 180
acttgccctc agtgaacctc tctatgccaa aagtctctgg gcctgacctt gatctgaact 240
tgaaaggacc aagtttgaag ggagacctgg atgcatctgt tcccagcatg aaggtgcatg 300
ctccagggtc caacctcagt ggtgtcgggtg gcaaaatgca ggtgggagga gacggtgtga 360
aagtgccagg gatcgatgcc acaacaaagc ttaacgttgg ggcaccagat gtgacactga 420
ggggaccaag cctgcaggga gatctggctg tctctgggtga catcaaatgc cctaaagtat 480
55 ccgtaggagc tctgatcta agcttgagg catccgaagg cagcattaaa cttcccaaaa 540
tgaagctgcc ccaatttggc atctctactc cgggggtccga cttgcacgtc aatgccaaag 600
ggccacaggt ttctggcgaa ctgaaggggc caggtgtgga tgtgaacctg aaaggccctc 660

```

```

aacaatatg atgaggcagc cagctacatc cagagtaagt ttgaggacct gaataagcgc 840
aaagacacca agggagatcta cagcacttc acgtgcgcca ccgacacca gaacgtgcag 900
ttcgtgtttg acgcccgtcac cgatgtcatc atcaagaaca acctgaagga ctgcccgttc 960
5  ttctgagggg cagcggggcc tggcgggatg ggccaccgcc gactttgtac cccccaaccc1020
ctgaggaaga tgggggcaag aagatcacgc tccccgcctg tcccccgcc gcttttctcc1080
tctttcctct ctttgttctc agctccccct gtcccctcag ctccagacgt aggggagggg1140
ttgccacagg cctccctgtt tgaagcctgc ccttgtctga gatgctggta atggccatgg1200
taccctcttc tgggcatctg ttctggtttt taaccattgt cttgttctgt gatgagggga1260
ggggggcaca tgctgagtct cccaaggctg cgtctggagg ggcccctgct tctccagcct1320
10 ggacccccag ctttgcceaa caccagccc tgcccagcc caagtccaaa tgtttacagg1380
gagcctcctg cccagtcccc caaccccagc cgctcggagg ccccaaagga aaaagcacaal440
gaagcgtgag acgccaccat tcttgaaac cacagtccac ctgctcattc tcgtagcttt1500
ttaaaaaaat gaaagtaaaag gaaaaaaa aaactgcaaa tctagaaaac tttttagaga1560
aaaaactattt aaaactgtca gatcctgacc agcaagcgcc ccccagccc cccttccaag1620
15 tgactccgtg ccttgagtgt gtctgcgtgt ttacaccctt ccctctgctg gccgcccccg1680
tgcgagcggc acccctgccc tgccctccac agaattgggt tccaagggct gttccagaca1740
actgccaacg tcaactgaggg ccctgcccc gcggccctgg cccagggctc tattaacctal800
aaatgtagct ccctagcgt aacctaggaa ccgcccgtgc ctgctggggg gccacgcccc1860
tcatgccctt gtcccaggcc cggggccttc agcgttgaac acttccttgc ttttttcaca1920
20 tgttttatgg aattgttcac ctggtttgaa ataataaaat gtagaaagga aaaaaaaaaa1980
aaaaaaa
1987

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2906 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

```

gtccagaagc aaaaattaag ttcccgaagt tttccatgcc caagatcggc atcccagggtg 60
tgaaatggg ggggtggggga gccgaggtcc atgccagct accctctctt gaaggagact 120
tgagaggacc agatgttaag ctgcaaggcc ccatgtttc tctaaagggg ccaggagtag 180
50 acttgccctc agtgaacctc tctatgccaa aagtctcttg gcctgacctt gatctgaact 240
tgaaaggacc aagtttgaag ggagacctgg atgcatctgt tcccagcatg aagggtgcatg 300
ctccagggtc caacctcagt ggtgtcggtg gcaaaatgca ggtgggagga gacggtgtga 360
aagtgccagg gatcgatgcc acaacaaagc ttaacgttgg ggcaccagat gtgacactga 420
ggggaccaag cctgcaggga gatctggctg tctctggtga catcaaatgc cctaaagtat 480
55 ccgtaggagc tctgatcta agcttgagg catccgaagg cagcattaaa cttcccaaaa 540
tgaagctgcc ccaatttggc atctctactc cggggtccga cttgcacgtc aatgccaagg 600
ggccacaggt ttctggcgaa ctgaaggggc cagggtgtgga tgtgaacctg aaaggccctc 660

```

```

ggatttcagc accgaatgtg gactttaact tggaggacc aaaagtgaaa gggagccttg 720
gggccactgg tgagatcaaa ggccccactg tcggaggagg tcttccaggc attggtgttc 780
aaggcctaga aggaaacctc cagatgcctg gaattaagtc ctctggatgt gatgtgaacc 840
tgccaggcgt gaatgtgaaa ctcccaactg ggagatttc tgggcctgaa atcaaagggtg 900
5 gtctgaaagg ttcagaagta gggttccatg gggctgctcc tgatatcagt gtgaaggggc 960
ctgcctttaa tatggcatct cctgagtcag attttggcat caacttgaag ggcccaaaaal020
tcaaaggagg tgccgatgtt tcaggggggtg tcagtgcctc agacatcagc cttggtgaag1080
ggcatttgag tgttaaagggt tccgggggtg agtgaagggt accccaagtc tcctctgtct1140
tcaacttggg cacatctaag tttgctgggg gccttcattt ctcaggacca aagggtgaag1200
10 gaggtgtgaa aggaggtcag attggactcc aggtcctctg gctgagtgtg tctgggcctc1260
aaggtcactt ggaaagtggg tctggaaaag taacattccc taaaatgaag atccccaat1320
ttaccttctc tggccgtgag ctggttggca gagaaatggg ggtggatgtt cacttccctal380
aagcagaggc cagcatccaa gctggtgctg gagacggcga gtgggaagag tctgaagtc1440
aactgaaaaa aatcgaagtc aaaatgccca agtttaattt ttccaaacct aaagggaag1500
15 gtggtgtcac tggctcacca gaagcatcaa tttctgggtc caaagggtgac ctgaaaagtt1560
caaaggccag cctgggctct ctggaaggag aggcagaggc cgaagcctct tcaccgaaag1620
gcaaattctc cttattttaa agtaagaagc cagggcaccg ctcaaattca ttcagtgtat1680
aaagagagtt ctctggacct tccaccccca cggggacgct ggagtttgaa ggtggggaag1740
tgtctctgga aggtgggaaa gttaaaggga aacacgggaa gctgaaattc ggtacctttg1800
20 gtggattggg gtcaaagagc aaagggtcatt atgaggtgac tgggagcgat gatgagacag1860
gcaagttaca ggggagtggt gtgtccctgg cctctaagaa gtcccactg tctcctctt1920
ctagcaatga cagtgggaat aagggttggc tccagcttcc cgaggtggag ctgtcagttt1980
ccacaaagaa agagtagcag gcctttgtag aacaaaacat cagccttggg tgggtgtgtc2040
ctatataaac tccaaaggga aacacaccga ctgcctcagc aatcatgcaa agaccttggc2100
25 tggcccgggt gcaagcgctg aaaaaccgac cgctgtagg ctccctggaac tatacagata2160
ggtaaagagt tccaagttcg tccagcccat gtgcaaagtc aacagtattt gccttaagat2220
ttcatatata tatatttttt tgcattgact gctgagagct cctgtttact aagcaagctt2280
ttgtgtttat tatcctcatt ttactgaac attgttagtt ttgggtaat ggaaaccac2340
tttttcattg taatgacttt gggggctttt gttagtaagg gtgggtgggg tgatgggttg2400
30 cagacggagg tcaggtcttc ctctttcctg agactggatc tgttcaaaca gcaaacgccc2460
acagatggcc cagaggtggt ggtagtcagg gtgtgtgggt gtttttaggg ttcttttagt2520
ttgtttcttt caccagggg tgggtggtccc agccagtttg gtgctgacgg tgagagggaa2580
ttagaatctg tttgcaaatt gtccaacca cccctcaac atgagggggt tccattttct2640
gtgttttgta agggaactgt ttcttctatg ccgcatgtt cctgatatta gttctgattt2700
35 ctttttaaca aatgttatca tgattaaaga aatttccagc actttaatgg ccaattaaact2760
gagaatgtaa gaaaattgat gctgtacaag gcaataaag ctgtttatta accttgaaaa2820
aaaaaaaaaa aaggaggagg gggggggggg gggggagggg gggggggggg aggggggggg2880
agggagggaa agggggggcg gggaggg 2906

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2367 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

```

ggatttcagc accgaatgtg gactttaact tgggaaggacc aaaagtgaag gggagccttg 720
gggccactgg tgagatcaaa ggcccactg tcggaggagg tcttccaggc attggtgttc 780
aaggcctaga aggaacctc cagatgcctg gaattaagtc ctctggatgt gatgtgaacc 840
tgccaggcgt gaatgtgaaa ctcccaactg ggcagatttc tgggcctgaa atcaaagggtg 900
5 gtctgaaagg ttcagaagta ggtttccatg gggctgctcc tgatatcagt gtgaaggggc 960
ctgcctttaa tatggcatct cctgagtcag attttggcat caacttgaag ggcccaaaaa1020
tcaaaggagg tgcggatgtt tcagggggtg tcagtgcacc agacatcagc cttggtgaag1080
ggcatttgag tggttaaagg tccgggggtg agtggaaggg accccaagtc tcctctgctc1140
tcaacttgga cacatctaag tttgctggg gccttcattt ctcaggacca aagggtggaag1200
10 gaggtgtgaa aggaggtcag attggactcc aggctcctgg gctgagtggt tctgggcctc1260
aaggctactt ggaaagtgga tctggaaaag taacattccc taaaatgaag atcccaaat1320
ttaccttctc tggccgtgag ctggttgga gagaaatggg ggtggatgtt cacttcccta1380
aagcagaggc cagcatccaa gctggtgctg gagacggcga gtgggaagag tctgaagtca1440
aactgaaaaa gtccaagatc aaaatgcccc agtttaattt ttccaaacct aaagggaag1500
15 gtggtgtcac tggctacca gaagcatcaa tttctgggtc caaagggtgac ctgaaaagt1560
caaaggccag cctgggctct ctggaaggag aggcagaggc cgaagcctct tcaccgaaag1620
gcaaattctc cttattttaa agtaagaagc cacggcaccg ctcaaattca ttcagtgtat1680
aaagagagtt ctctggacct tccaccccca cggggacgct ggagtttgaa ggtggggaag1740
20 tgtctctgga aggtgggaaa gttaaaggga aacacgggaa gctgaaattc ggtaccttg1800
gtggattggg gtcaaagagc aaagggtcatt atgaggtgac tgggagcgat gatgagacag1860
gcaagtatac ggggagtggt gtgtccctgg cctctaagaa gtcccactg tctcctctt1920
ctagcaatga cagtgggaat aagggttgga tccagcttcc cgaggtggag ctgtcagttt1980
ccacaaagaa agagttagcag gctttgttag aacaaaacat cagccttggg tgggtgtgtc2040
25 ctatataaac tccaaaggga aacacaccga ctgectcagc aatcatgcaa agaccttggc2100
tgcccgggtg gcaagcgtg aaaaaccgac cgctgtagg ctcttggaaac tatacagata2160
ggtaaagagt tccaagttcg tccagcccat gtgcaaagtc aacagtattt gccttaagat2220
ttcatatata tatatttttt tgcattgact gctgagagct cctgtttact aagcaagctt2280
ttgtgtttat tatctcatt tttactgaac attgttagtt ttggggtaag ggaacccac2340
30 tttttcattg taatgacttt gggggctttt gttagtaagg gtgggtgggg tgatgggttg2400
cagacggagg tcaggctctc ctctttcctg agactggatc tgttcaaaca gcaaaccgcc2460
acagatggcc cagaggtggt ggtagtcagg gtgtgtgggt gtttttaggg ttcttttagt2520
ttgtttcttt caccagggg tgggtgtccc agccagtttg gtgctgacgg tgagaggaaa2580
ttagaatctg tttgcaaat gtccaacca cccctcaac atgaggggct tccattttct2640
35 gtgttttgta agggaactgt tctctcatg ccgcatgtt cctgatatta gttctgattt2700
ctttttaaca aatgttatca tgattaagaa aatttccagc actttaatgg ccaattaact2760
gagaatgtaa gaaaattgat gctgtacaag gcaaataaag ctgtttatta accttgaaaa2820
aaaaaaaaa aaggagggga ggggggggag gggggagggg gggggggggg aggggggggg2880
agggagggaa agggggggcg gggagg
2906

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

```

5      gctccccgcc cgcgcctct gtctccctct ctccacaaac tgcccaggag tgagtagctg 60
      ctttcggtcc gccggacaca ccggacagat agacgtgcgg acggcccacc accccagccc 120
      gccaaactagt cagcctgcgc ctggcgctc ccctctccag gtccatccgc catgtggccc 180
10     ctgtggcgcc tcgtgtctct gctggccctg agccaggccc tgccctttga gcagagaggc 240
      ttctgggact tcaccctgga cgatgggcca ttcatgatga acgatgagga agcttcgggc 300
      gctgacacct cgggcgtcct ggaccgggac tctgtcacac ccacctacag cgccatgtgt 360
      ctttcgggt gccactgcc cctgcgggtg gttcagtgct ccgacctggg tctgaagtct 420
      gtgccc aaag agatctcccc tgacaccacg ctgctggacc tgcagaacaa cgacatctcc 480
      gagctccgca aggatgactt caagggtctc cagcacctct acgccctcgt cctggtgaac 540
15     aacaagatct ccaagatcca tgagaaggcc ttcagcccac tgcggaagct gcagaagctc 600
      tacatctcca agaaccacct ggtggagatc ccgccc aacc taccagctc cctggtggag 660
      ctccgcatcc acgacaaccg catccgcaag gtgccc aagg gactgttcag tgggctccgg 720
      aacatgaact gcatcgagat gggcggaac ccactggaga acagtggctt tgaacctgga 780
20     gccttcgatg gcctgaagct caactacctg cgcactcag aggccaaagt gactggcacc 840
      cccaagacc tccctgagac cctgaatgaa ctccacctag accacaacaa aatccaggcc 900
      atcgaactgg aggaacctgt tcgctactcc aagctgtaca ggctgggctt aggccacaac 960
      cagatcagga tgatcgagaa cgggagcctg agcttcctgc ccacctccg ggagctccac1020
      ttggacaaca acaagttggc caggggtccc tcagggtccc cagacctcaa gctcctccag1080
      gtggtctatc tgcactccaa caacatcacc aaagtgggtg tcaacgactt ctgtcccatg1140
25     ggcttcgggg tgaagcgggc ctactacaac ggcacagcc tcttcaacaa cccggtgcc1200
      tactgggagg tgcagccggc cactttccgc tgcgtcactg accgcctggc catccagttt1260
      ggcaactaca aaaagtagag gcagctgcag ccaccgcggg gcctcagtg gggtctctgg1320
      ggaacacagc cagacatcct gatggggagg cagagccagg aagctaagcc agggcccagc1380
      tgcgtccaac ccagccccc acctcgggtc cctgacccca gctcagtgcc ccataccgc1440
30     ctctccctgg ctcccaaggg tgcaggtggg cgcaaggccc ggccccatc acatgttccc1500
      ttggcctcag agctgcccct gctctccac cacagccacc cagaggcacc ccatgaagct1560
      tttttctcgt tcaactccaa acccaagtgt ccaaggctcc agtcctagga gaacagtccc1620
      tgggtcagca gccaggaggc ggtccataag aatggggaca gtgggctctg ccagggtctg1680
      cgcacctgtc cagacacaca tgttctgttc ctctcctca tgcatttcca gcctttcaac1740
35     cctccccgac tctgcggctc cctcagccc ccttgcaagt tcatggcctg tccctccaag1800
      acccctgctc cactggccct tcgaaccagtc ctccctctg ttctctctt ccccgctcct1860
      cctctctctc tctgtgtgtg tgtcgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtcttgtgct1920
      tccctcagacc tttctcgtt ctgagcttgg tggcctgttc cctccatctc tccgaacctg1980
      gcttcgctg tccctttcac tccacaccct ctggccttct gccttgagct gggactgctt2040
40     tctgtctgtc cggcctgcac ccagcccctg ccacaaaac ccaggggaca gcggtctccc2100
      cagcctgccc tgcacggcc ttgcccccaa acctgtactg tcccggagga ggttgggagg2160
      tggaggccca gcatcccgcg cagatgacac catcaaccgc cagagtccca gacaccggtt2220
      ttcttagaag cccctcacc ccactggccc actggtggct aggtctcccc ttatccttct2280
      ggtccagcgc aaggaggggc tgcttctgag gtcggtggct gtctttccat taaagaaaca2340
45     ccgtgcaacg tgaaaaaaa aaaaaaa

```

2367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1314 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

```

5      gcctcccgcc cgcgcgctct gtctccctct ctccacaaac tgcccaggag tgagtagctg 60
      ctttcggtcc gccggacaca cgggacagat agacgtgagg acggcccacc accccagccc 120
      gccaaactagt cagcctgcgc ctggcgctct ccctctccag gtccatccgc catgtggccc 180
      ctgtggcgcc tcgtgtctct gctggccctg agccaggccc tgccctttga gcagagaggc 240
10     ttctgggact tcaccctgga cgatgggcca ttcatgatga acgatgagga agcttcgggc 300
      getgacacct cgggcgtcct ggaccgggac tctgtcacac ccacctacag cgccatgtgt 360
      ccttcggct gccactgcc cctgcgggtg gttcagtgt cgcacctggg tctgaagtct 420
      gtgcccaag agatctcccc tgacaccag ctgctggacc tgacagaaca cgacatctcc 480
      gagctccgca aggatgactt caagggtctc cagcacctct acgacctcgt cctggtgaac 540
15     aacaagatct ccaagatcca tgagaaggcc ttcagcccac tgcggaagct gcagaagctc 600
      tacatctcca agaaccacct ggtggagatc ccgcccacc taccagctc cctggtggag 660
      ctccgcatcc acgacaaccg catccgcaag gtgcccaagg gagtgttcag tgggtccgg 720
      aacatgaact gcacgagat gggcggaac ccactggaga acagtggctt tgaacctgga 780
      gccttcgagt gccctgaagt caactacctg cgcactctag aggccaagct gactggcatc 840
20     cccaaagacc tccctgagac cctgaatgaa ctccacctag accacaaca aatccaggc 900
      atcgaactgg aggacctgtc tcgtactctc aagctgtaca ggctgggcct aggccacaac 960
      cagatcagga tgatcgagaa cgggagcctg agcttcctgc ccacctccg ggagctccac1020
      ttggacaaca acaagttggc cagggtgccc tcagggtctc cagacctcaa gctcctccag1080
      gtggtctatc tgcactccaa caacatcacc aaagtgggtg tcaacgactt ctgtcccatg1140
25     ggcttcgggg tgaagcgggc ctactacaac ggcatcagcc tcttcaacaa ccccgctccc1200
      tactgggagg tgcagccggc cactttccgc tgcgtcactg accgcctggc catccagttt1260
      ggcaactaca aaaagttaga gcagctgcag ccacgcggg gcctcagtgg ggtctctgg1320
      ggaacacagc cagacatcct gatggggagg cagagccagg aagctaagcc agggcccagc1380
      tgcgtccaac ccagccccc acctcgggtc cctgaccca gctcgatgcc ccatcaccgc1440
30     ctctccctgg ctcccaaggg tgcaggtggg cgcaaggccc ggccccatc acatgttccc1500
      ttggcctcag agctgcccct gctctcccac cacagccacc cagaggcacc ccatgaagct1560
      tttttctcgt tcactcccaa acccaagtgt ccaaggctcc agtcctagga gaacagtccc1620
      tgggtcagca gccaggaggc ggtccataag aatggggaca gtgggtctct ccagggtctc1680
      cgcacctgtc cagacacaca tgttctgttc ctctctca tgcatttcca gcctttcaac1740
35     cctccccgac tctgcggctc ccctcagccc ccttgcaagt tcatggcctg tccctccaag1800
      accctgctc cactggccct tcgaccagtc ctccctctg ttctctctt ccccgctcct1860
      cctctctctc tctgtgtgtg tgcgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtctgtgt1920
      tcctcagacc tttctcgtt ctgagcttg tggcctgttc cctccatctc tccgaacctg1980
      gcttcgcctg tccctttcac tccacaccct ctggccttct gccttgagct gggactgctt2040
40     tctgtctgtc cggcctgcac ccagccctg cccacaaaac cccagggaca gcggtctccc2100
      cagcctgccc tgcctcaggc ttgcccccaa acctgtactg tcccggagga ggttgggagg2160
      tggaggccca gcatcccgcg cagatgacac catcaaccgc cagagtccca gacaccggtt2220
      ttctagaag cccctcacc ccaactggccc actggtggct aggtctcccc ttatccttct2280
      ggtccagcgc aaggaggggc tgcttctgag gtcggtggct gtctttccat taaagaaaca2340
45     ccgtgcaacg tgaaaaaaa aaaaaaa 2367

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 50 (A) LÄNGE: 1314 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

```

cacacacctg cacatactca tgcattgcaca tgtacacacg cagtcacaca tgcactcacg 60
cagttgcaca cacacgcatg ctcaactcca cactgtgtgc actcaggtgg ctgtgttggg 120
cagttgggcc cagggtccc ctgctgtcct gtggggccgg catctgctct ccttctttct 180
15 ccccaggtac ttctactccc gaaggattga catcacctg tcgtcagtca agtgcttcca 240
caagctggcc tctgcctatg gggccaggca gctgcagggc tactgcgcaa gcctctttgc 300
catcctctc ccccaggacc cctcgttcca gatgccctg gacctgtatg cctatgcagt 360
ggccacaggg gacgccctgc tggagaagct ctgccctacg ttcttggcct ggaacttcga 420
ggccttgacg caggccgagg cctggcccag tgtccccaca gacctgctcc aactgctgct 480
20 gcccaggagc gacctggcgg tgcccagcga gctggcccta ctgaaggccg tggacacctg 540
gagctggggg gagcgtgcct cccatgagga ggtggagggc ttggtggaga agatccgctt 600
ccccatgatg ctccctgagg agctctttga gctgcagttc aacctgtccc tgtactggag 660
ccacgaggcc ctgttccaga agaagactct gcaggccctg gaattccaca ctgtgccctt 720
ccagttgctg gcccgttaca aaggcctgaa cctcaccgag gataacctaca agccccggat 780
25 ttacacctcg cccacctgga gtgcctttgt gacagacagt tcctggagtg cacggaagtc 840
acaactggtc tatcagttca gacgggggcc ttgtgtcaaa tattcttctg attacttcca 900
agccccctct gactacagat actaccctca ccagtccttc cagactccac aacaccccag 960
cttctctctc caggacaaga ggtgtcctg gtccctggtc tacctcccca ccatccagag 1020
30 ctgctggaac tacggcttct cctgtcctc ggacgagctc cctgtcctgg gcctcaccaal080
gtctggcgcc tcagatcgca ccattgccta cgaaaacaaa gccctgatgc tctgcgaagg 1140
gctcttctgt gcagacgtca ccgatttcga gggctggaag gctgcgattc ccagtgccct 1200
ggacaccaac agctcgaaga gaacctctc cttccctgc cccggcagag cttttcaaac 1260
gggctttccg caacgggtca atccgcgcct ttctaacttg acaaacttct tcag 1314

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 965 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

```

cacacacctg cacatactca tgcattgcaca tgtacacacg cagtcacaca tgcactcacg 60
cagttgcaca cacacgcatg ctcactccca cactgtgtgc actcaggtgg ctgtgttggg 120
cagttggggc cagggtccc ctgctgtcct gtggggcccg catctgctct ccttctttct 180
15 ccccaggtac ttctactccc gaaggattga catcaccctg tcgtcagtca agtgcttcca 240
caagctggcc tctgcctatg gggccaggca gctgcagggc tactgcgcaa gcctctttgc 300
catcctcctc ccccaggacc cctcgttcca gatgccctg gacctgtatg cctatgcagt 360
ggccacaggg gacgccctgc tggagaagct ctgcctacag ttcctggcct ggaacttcga 420
ggccttgacg caggccgagg cctggcccag tgtcccccac gacctgctcc aactgctgct 480
20 gcccaggagc gacctggcgg tgcccagcga gctggcccta ctgaaggccg tggacacctg 540
gagctggggg gacgtgcct cccatgagga ggtggagggc ttggtggaga agatccgctt 600
ccccatgatg ctccctgagg agctctttga gctgcagttc aacctgtccc tgtactggag 660
ccacgaggcc ctgttccaga agaagactct gcaggccctg gaattccaca ctgtgccctt 720
ccagttgctg gcccggtaca aaggcctgaa cctcaccgag gatacctaca agccccgat 780
25 ttacacctcg cccacctgga gtgcctttgt gacagacagt tcctggagtg cacggaagtc 840
acaactggtc tatcagtcca gacggggggc ttgtgtcaaa tattcttctg attacttcca 900
agccccctct gactacagat actacccta ccagtccttc cagactccac aacaccccag 960
cttcctcttc caggacaaga ggtgtcctg gtccctggtc tacctcccca ccatccagag 1020
ctgtggaac tacggcttct cctgctcctc ggacgagctc cctgtcctgg gcctcacca 1080
30 gtctggcggc tcagatcgca ccattgccta cgaaaacaaa gccctgatgc tctgcgaagg 1140
gctcttcgtg gcagacgtca ccgatttcca gggctggaag gctgcgattc ccagtgccct 1200
ggacaccaac agctcgaaga gaacctcctc cttccctgc cccggcagag cttttcaaac 1260
gggctttccg caacgggtca atccgcgcct ttctaacttg acaaacttct tcag 1314

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 965 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

```

5  cctcccaaaag gaactcccca atactagaac tcaccccaaa ccccttgcaac ttcaacaaat 60
   taacgaaccc attccccaac ccacaatacc ccaccctcca acaacctaaa acaacgactt120
   catgctcccg tgcccaaaac gcacagacct tcaacctgga cggctccctg atctatgaaa180
   gactcccatc gtcttgcaat cgggtctcac cagcgtgcgg cagaaaatcg agaaggagga240
   tgacagtga ggcgaggaga gtgaggagga ggaagagggc gaggaggaag gctccgaatc300
10  cgaatctcgg tccgtcaaaag tgaagatcaa gcttgccggg aaggagaagg cacaggaccg360
   cgatgacagt gaggaggaac aagaggagga ccgctcagga agtgccagg tcgtgagtga420
   agccccgaca ttccagtctc gaccccgagc ccctcgttcc agagctgaga tggcataggc540
   cttagcagta acgggtagca gcagatgtag ttccagactt ggagtaaaac tgtataaaca600
   aaagaatctt ccataatttat acagcagaga agctgtagga ctgtttgtga ctggccctgt660
15  cctggcatca gtagcatctg taacagcatt aactgtctta aagagagaga gagagaattc720
   cgaattgggg aacacacgat acctgttttt cttttccggt gctggcagta ctgttgccc780
   gcagtttggg gtcactgtag ttaagtgtgg atgcatgtgc gtcaccgtcc actcctccta840
   ctgtatttta ttggacaggt cagactcgcc gggggcccgg cgagggtatg tcagtgtcac900
20  tggatgtcaa acagtaataa attaaaccaa caacaaaacg caaaaaaaaa aaaccaagg960
   cgaga
                                     965

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 3101 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

```

45  ctgcgcggcgg acacaggag cagcgagcac gcgtttcccg caaccgata ccatcggaca 60
   ggatttctcc gctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtgatt tagatgaaag 120
   agctattgaa gctttaaaag aattcaatga agacggtgca ttggcagttc ttcaacagtt 180
50  taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa 240
   gacttacagg cagagagaaa aacaagggac caaagtagca gattctagta aaggaccaga 300
   tgaggcaaaa attaaggcac tcttgaaaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg 360
   acagagggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt 420
   tggcactgag atattttgtg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aactgttcc 480
   attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg 540
55  tctcaataga ggttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaa gaagcagctc aggaggctgt 600
   taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcactcagt 660
   tgccaacaat aggcctttttg tgggctctat tcctaagagt aaaaccaagg aacagattct 720

```

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

```

5 cctcccaaag gaactcccca ataactagaac tcatcccaaa ccccttgcaac ttcaacaaat 60
  taacgaaccc attccccaac ccacaatacc ccaccctcca acaacctaaa acaacgactt120
  catgctcccg tgcccaaaac gcacagacct tcaacctgga cggctccctg atctatgaaa180
  gactcccatc gtcttgcaat cggctcttcac cagcgtgacg cagaaaaatcg agaaggagga240
  tgacagtga ggcgaggaga gtgaggagga ggaagagggc gaggaggaag gctccgaatc300
  cgaatctcgg tccgtcaaag tgaagatcaa gcttggccgg aaggagaagg cacaggaccg360
10 gctgaagggc ggccggcgcc ggccgagccg aggggtccga gccaaagccg tcgtgagtga420
  cgatgacagt gaggaggaac aaggaggaga ccgctcagga agtggcagcg aagaagactg480
  agccccgaca ttccagtctc gaccccgagc ccctcgttcc agagctgaga tggcataggc540
  cttagcagta acgggtagca gcagatgtag ttccagactt ggagtaaaac tgtataaaca600
  aaagaatctt ccatatttat acagcagaga agctgtagga ctgtttgtga ctggccctgt660
15 cctggcatca gtagcatctg taacagcatt aactgtctta aagagagaga gagagaattc720
  cgaattgggg aacacacgat acctgttttt cttttccgtt gctggcagta ctgttgcgcc780
  gcagtttggg gtccactgtg ttaagtgtgg atgcatgtgc gtcaccgtcc actcctccta840
  ctgtatttta ttggacaggt cagactcgcc gggggcccg cgagggtatg tcagtgtcac900
  tggatgtcaa acagtaataa attaaaccaa caacaaaacg caaaaaaaaa aaaccaagg960
20 cgaga 965

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 3101 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

```

45 ctgcgcgccg acacaggag cagcgagcac gcgtttcccg caaccggata ccatcggaca 60
  ggatttctcc gcctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtgatt tagatgaaag 120
  agctattgaa gctttaaaag aattcaatga agacgggtgca ttggcagttc ttcaacagtt 180
  taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa 240
50 gacttacagg cagagagaaa aacaaggagc caaagtagca gattctagta aaggaccaga 300
  tgaggcaaaa attaaggcac tcttggaag aacaggctac aacttgatg tgaccactgg 360
  acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt 420
  tggcactgag atatttgtgg gaaagatccc aagagatcta ttgaggatg aacttggtcc 480
  attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg 540
55 tctcaataga gggtatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt 600
  taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcatctcagt 660
  tgccaacaat aggcctttttg tgggctctat tcctaagagt aaaaccaagg aacagattct 720

```

```

tgaagaattt agcaaagtaa cagaggggtct tacagacgtc attttatacc accaaccgga 780
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc 840
ccaggtaaaa gtgctgtttg tacgcaacct tgccaatact gtaacagaag agattttaga 900
5 aaaggcattt agtcagtttg ggaaactgga acgagtgaag aagttaaaag attatgcgtt 960
cattcatttt gatgagcgag atgggtgctgt caaggctatg gaagaaatga atggcaaaga1020
cttgaggagg gaaaatattg aaattgtttt tgccaagcca ccagatcaga aaaggaaaga1080
aagaaaagct cagaggcaag cagcaaaaaa tcaaagtgtat gacgattact actattatgg1140
tccacctcat atgccccctc caacaagagg tcgagggcgt ggaggtagag gtggttatgg1200
atatacctcca gattattatg gatatgaaga ttattatgat tattatgggt atgattacca1260
10 taactatcgt ggtggatatg aagatccata ctatggttat gaagattttc aagttggagc1320
tagaggaagg ggtggtagag gagcaagggg tgctgctcca tccagaggtc gtggggctgc1380
tcctccccgc ggtagagccg gttattcaca gagaggaggt cctggatcag caagaggcgt1440
tcgaggtgcg agaggaggtg cccaacaaca aagaggccgc gggcagggaa aaggggtcga1500
ggccggtcct gacctgttac aatgaagact gacttgctat gtgggattac accagaagct1560
15 tgcagtggag taatggtaag gaaatcaagc aaccttaaat atgtcggctg tataggagca1620
tattctattg cagaagacct tcctatgaag atcatggaat caaatacggg acattgaact1680
aatacttgga ctttgatatg aatttcttta acaattttct ctgcagtgcga agttattaaa1740
ctaaagctac tctattttca aaatgtgttc caacagaaat ccttcataac tcctagcatg1800
gtatcttaaa aaagaataaa gttcttttaa aaatctgctc taagtagatt tttccccctt1860
20 tttaaattaa ggatcccaac agtgggtatt tgaaatatc tcttgaattt gtgcatttaa1920
attttattgc agtggtagat atgaatgccg ctgatggtat ccttaaat ttttctgct1980
caccaagggt aatcatgatt gtctatatct tttttatagt gatcacttt gaattgtgtt2040
cagatatgca gtttcagggt taatcatcag agctgggttag tcaggcattc cagatagtgg2100
ttcttttcag aaccttttta aaagggttgg ttaactacct cagtagcaga ggattgaact2160
25 ataccctgtc tgtactgtac atagaaaatc tttgtagata aaagcaaggc ttgttaata2220
tgatatgagg gtaagatttt aatataccaa atgtaacatt cttagtgtgc tttagtttca2280
gaggttgta agacttcctc atgaccatca taacaggcct tgcttttgc gtattttgtg2340
gctgaaaaag cagccttgct tcttcagata ttgtagtat ttggatgtat aatagttag2400
30 caagatgtta cttttgtgaa acatcagatg ttcaaaaaag tgcatccgaa cttgtactaa2460
atactgcagt gtccctttat aaaaagtcag actaaaactg acaattgtac agcgaagcct2520
gacatttgga tttttgaa ttttttcata aatcatagaa attagtatat ggctgtagtt2580
tagcttttta ggtaaaagg atgtttcatt agtgcatttc ttctgctga tcaactgtaa2640
catgtgaatc agctttccat ttcttatgca ggtcatgata acttgtagag tagagtacaa2700
tcatttgtgc tatgttttta attttctaaa gcacctgat gacagtgaat gtccagtgg2760
35 gaagcatcct ctattgaacc accctcaaaa attttttgc caagtcctaa gttgatagct2820
taaagtaaaa agtgaaaatt atagtttcat taggacttgg tgtaagaaa tccccctccc2880
ccttcccaa agggatactg cagttatata acatacccaa taggcaccac gatgaagatc2940
agagcttata ctttaatta gttttatata caccagttcc ccagtaaatg caaatttaac3000
aagaaaatca gacatgtcat atgttcaaaa tgctcatggc aaacaatcat tttgcattcc3060
40 tgcaataaaa attgttttat actgtaaaac aaaaaaaaaa a

```

3101

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 983 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

```

tgaagaattt agcaaagtaa cagagggtct tacagacgtc attttataacc accaaccgga 780
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc 840
ccaggtaaaa gtgctgtttg tacgcaacct tgccaatact gtaacagaag agatttttaga 900
aaaggcattt agtcagtttg ggaaactgga acgagtgaag aagttaaaag attatgcgtt 960
5 cattcatttt gatgagcgag atggtgctgt caaggctatg gaagaaatga atggcaaaga1020
cttgagggga gaaaatattg aaattgtttt tgccaagcca ccagatcaga aaaggaaaga1080
aagaaaagct cagaggcaag cagcaaaaaa tcaaattgat gacgattact actattatgg1140
tccacctcat atgccccctc caacaagagg tcgaggcgct ggaggtagag gtgggtatgg1200
atatcctcca gattattatg gatatgaaga ttattatgat tattatggtt atgattacca1260
10 taactatcgt ggtggatatg aagatccata ctatggttat gaagattttc aagttggagc1320
tagaggaagg ggtggttagag gagcaagggg tgctgctcca tccagaggtc gtggggctgc1380
tcctccccgc ggtagagccg gttattcaca gagaggaggt cctggatcag caagaggcgt1440
tcgagggtgc agaggaggtg cccaacaaca aagaggccgc gggcagggaa aaggggtcga1500
ggcgggtcct aatgagttac aatgaagct gacttgctat gtgggattac accagaagct1560
15 tgcagtgtag taatggtaag gaaatcaagc aaccttaaat atgtcggctg tataggagca1620
tattctattg cagaagacct tcctatgaag atcatggaat caaatacggg acattgaact1680
aatacttggg ctttgatatg aatttcttta acaattttct ctgcagtgcg agttattaaa1740
ctaaagctac tctattttca aaatgtgttc caacagaaat ccttcataac tcctagcatg1800
gtatcttaat aaagaataaaa gttcttttaa aaatctgctc taagtagatt tttccccctt1860
20 tttaaattaa ggatcccaac agtggatatt tgaaatattc tcttgaattt gtgcatttaa1920
attttattgc agtggatatg atgaatgcca ctgatggtat ccttaaattt tatttctgct1980
caccaggtt aatcatgatt gtctatatct tttttatagt gatcactttt gaattgtgtt2040
cagatatgca gtttcagggtg taatcatcag agctggttag tcaggcattc cagatagtgg2100
ttcttttcag aaccttttta aaagggttgg ttaactacct cagtagcaga ggattgaact2160
25 ataccctgtc tgtactgtac atagaaaatc tttgtagata aaagcaaggc ttgttaaata2220
tgatatgagg gtaagatttt aatatacca atgtaacatt cttagttgcc tttagtttca2280
gaggcttgta agacttcctc atgaccatca taacaggcct tgcttttgtc gtattttgtg2340
gctgaaaaag cagccttgct tcttcagata ttgtagttat ttggatgtat aatagtttag2400
caagatgtta cttttgtaag acatcagatg ttcaaaaaag tgcattcgaa cttgtactaa2460
30 atactgcagt gtccctttat aaaaagtcag actaaaactg acaattgtac agcgaagcct2520
gacatttgga tattttgaag ttttttcata aatcatagaa attagtatat ggctgtagtt2580
tagcttttta ggtaaaagg atgtttcatt agtgcatttc ttctgtgta tcaactgtaa2640
catgtgaatc agctttccat ttcttatgca ggtcatgata acttgtagag tagagtacaa2700
tcatttgtgc tatgttttta attttctaa gcaccttgat gacagtgagt gtccagtggt2760
35 gaagcatcct ctattgaacc accctcaaaa atttttttgc caagtcctaa gttgatagct2820
taaagtaaaa agtgaaaatt atagtttcat taggacttgg tgtaaaagaa tccccctccc2880
ccttcccaa agggatactg cagttatata acatacccaa taggcaccac gatgaagatc2940
agagcttata cttaattaag gttttatata caccagttcc ccagtaaatg caaatttaac3000
aagaaaatca gacatgtcat atgttcaaaa tgctcatggc aaacaatcat tttgcattcc3060
40 tgcaataaaa attgttttat actgtaaaac aaaaaaaaaa a
3101

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 983 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

cgggcgaggag cgggcggtcca gactggggag ggacgcgcac cggccaggag gcttcaagag 60  
gagggcacta gggccctgcg agcggcgctct taaccggcgg cgctaggact ccgcgggaaa120  
10 cgggcggggc ggacggggcg caccaggacc cagggggaacc gcgacgggcg ggcgcgagc180  
aggcccgga gccgggaggt gcggcgggcg gcgctggacc cgacgcggcg agagaggccc240  
cgagatgccg agcaagaaga agaagtacaa cgcgcggttc ccgcgggcgc ggatcaagaa300  
gatcatgcag acggacgaag agattgggaa ggtggcgggcg gcggtgcctg tcatcatctc360  
ccgggcgctc gagctcttcc tagagtcgct gttgaagaag gcctgccagg tgaccagtc420  
15 gcggaacgga aagaccatga ccacatccca cctgaagcag tgcacgagc tggagcagca480  
gtttgacttc ttgaaggacc tgggtggcatc tgttcccgac atgcaggggg acggggaaga540  
caaccacatg gatggggaca agggcgcccg cagggcggga agccaggcag cggcgggccgg600  
aagaacggtg ggatgggaac gaaaagcaag gacaagaagc tgtccgggac agactcggag660  
caggaggatg aatctgagga cacagatact gatggggaag aggagacatc acaaccccc720  
20 cccagggcca gccaccctc tgcccacttt cagagcccc cgacaccctt cctgcccttc780  
gcctctactc tgcctttgcc ccagcgccc ccggggccct cagcacctga tgaagaggac840  
gaagaagatt acgactccta gcgccttctg cccccagac catagcccct tttagttggt900  
tttagttgct ctggggggag gagagaaggt agagctgttc ttaaatttat taaaaaaaa960  
aataaaaggg aaaaaaaaaaaa aaa  
25 983

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

FIDSYRCFQP KQEGAFTCWS AVTGARHLNY GSRLDYTLGD RTLVIDTFQA SFLLPEVMGS 60  
45 DHCPVGAVALS VSSVPAKQCP PLCTRFLPEF AGTQLKILRF LVPLEQSPVL EQSTLQHNNQ120  
TRVQTCQNK AQRSTRPQPS QVGSSRGQKN LKSYFQSPSPS CPQASPDIEL PSLPLMSALM180  
TPKTPEEKAV AKVVKGQAKT SEAKDEKELR TSFWKSVLAG PLRTPLCGGH REPCVMRTVK240  
KPGPNLGRRF YMCARPRGPP TDPSSRCNSS SGAGPAEPME AWGHLAWSPL HMI 293

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

5 cgggcgaggag cgggcggtcca gactggggag ggacgcgcac cggccaggag gcttcaagag 60  
 gagggcacta gggccctgcg agcggcgtct taaccggcgg cgctaggact ccgcgggaaa120  
 10 cgggcggggc ggacgggcgg caccaggacc caggggaacc gcgacgggcg ggcggcgagc180  
 agggccggga gccgggaggt gcgggcggcg gcgctggacc cgacgggcg agagagggcc240  
 cgagatgccg agcaagaaga agaagtacaa cgcgcggttc ccgcggcgcc ggatcaagaa300  
 gatcatgcag acggacgaag agattgggaa ggtggcgggc gcggtgcctg tcatcatctc360  
 ccgggcgctc gagctcttcc tagatcgct gttgaagaag gcctgccagg tgaccagtc420  
 15 gcggaacgga aagaccatga ccacatccca cctgaagcag tgcacgagc tggagcagca480  
 gtttgacttc ttgaaggacc tgggtggcgc tgttcccgac atgcaggggg acggggaaga540  
 caaccacatg gatggggaca agggcgcccg caggggccgga agccaggcag cggcgccgg600  
 aagaacggtg ggtggggaac gaaaagcaag gacaagaagc tgtccgggac agactcggag660  
 caggaggatg aatctgagga cacagatact gatggggaag aggagacatc acaaccccca720  
 20 cccagggcca gccacccctc tgcccacttt cagagccccc cgacaccctt cctgcccttc780  
 gcctctactc tgcctttgccc ccagcgcccc ccggggccct cagcacctga tgaagaggac840  
 gaagaagatt agactccta gcgccttctg cccccagac catagccctt tttagtggg900  
 tttagtgtct ctggggggag gagagaaggt agagctgttc ttaaatttat taaaaaaaa960  
 25 aataaaaggg aaaaaaaaaaaa aaa 983

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

45 FIDSYRCFQP KQEGAFTCWS AVTGARHLNY GSRLDYTLGD RTLVIDTFQA SFLLEPEVMGS 60  
 DHCPVGAVALS VSSVPAKQCP PLCTRFLPEF AGTQLKILRF LVPLEQSPVL EQSTLQHNNQ120  
 TRVQTCQNK AQRSTRPQPS QVGSSRGQKN LKSYFQSPSPS CPQASPDIEL PSLPLMSALM180  
 TPKTPEEKAV AKVVKGQAKT SEAKDEKELR TSFWKSVLAG PLRTPLCGGH REPCVMRTVK240  
 KPGPNLGRRF YMCARPRGPP TDPSSRCNSS SGAGPAEPME AWGHLAWSPL HMI 293

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

ETLREKQEAA QGRGAGLRSC AGVTMPDVPR PPLVQLGLLQ RKNCTGRRGQ WEDPGAWHTC 60  
RSGGPSWVLA SSQYASHMAP CGPHRGVCAR APPAQTSRMR SVTPSHLWLL KSWPAPSPLW120  
15 PLPSLLESSG S 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

35 KRRPKLGPGF FTVRITHGSL WPPQRGVRKG PASTDFQNEV RNSFSSLASE VLACPFTTLA60  
TAFSSGVFGV MRALISGRIG SSMSGEAWGQ LGEG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

15 ETLREKQEAA QGRGAGLRSC AGVTMPDVPR PPLVQLGLLQ RKNCTGRRGQ WEDPGAWHTC 60  
RSGGPSWVLA SSQYASHMAP CGPHRGVCAR APPAQTSRMR SVTPSHLWLL KSWPAPSPLW120  
PLPSLLESSG S 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

35 KRRPKLGPGF FTVRITHGSL WPPQRGVRKG PASTDFQNEV RNSFSSLASE VLACPFITLA60  
TAFSSGVFGV MRALISGRLG SSMSGEAWGQ LGEG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

5 LHLQAAQRLY LRPVRVGAWA LSLPGERRAE ISNQWSALVT WIPEGREGST VSSAADCCSK 60  
NVFSTSFESP SHGNPSTPTR DPTPAVSRIS STCTSRDPND SCTNEHYGSC SNCLSTHCYVY120  
GWKAFGRKKG SSRKKG 136

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

10 (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

25 PGSQKVAKAV PFPQRRTAAV RMSFPPHLNR PPMGIPALPP GIPPPQFPGF PPPVPPGTPM 60  
IPVPMSIMAP APTVLVPTVS MVGKHLGARK DHPGLKAKEN DENCGPSTTV FVGNISEKAS120  
DMLIRQLLAK CGLVLWKRK QGASGKLQAF GFCEYKEPES TLRALRLLHD LQIGEKLLV180  
KVDAKTKAQL DEWKAKKKAS NGNARPETVT NDDEEALDEE TKRRDQMIKG AIEVLIREYS240  
30 SELNAPSQES DSHPQEEEEG KEGGHFPQIS SGPTDPLSTH H 281

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

35 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

50 CSLVQESLGS LEVQVEEILE TAGVGSVLGV LGFPWEGDSN EVEKTFLQO SAAEETVLPS 60  
RPSGIQVTS LHWFEISARR SPGRLSAQAP TRTGRKYSRC AAS 103

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

5 LHLAAQRLY LRPVRVGAWA LSLPGERRAE ISNQWSALVT WIPEGREGST VSSAADCCSK 60  
NVFSTSFESP SHGNPSTPTR DPTPAVSRI STCTSRDPND SCTNEHYGSC SNCLSTHCYV120  
GWKAFGRKKG SSRLKG 136

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

10 (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

25 PGSQKVAKAV PFPQRRTA AV RMSFPPHLNR PPMGIPALPP GIPPPQFPGF PPPVPPGTPM 60  
IPVPM SIMAP APTVLVPTVS MVGKHLGARK DHPGLKAKEN DENC GP TTTV FVGNISEKAS120  
DMLIRQLLAK CGLVL SWKRV QGASGKLQAF GFCEYKEPES TLRALRL LHD LQIGEKLLV180  
KVDAKTKAQL DEWKAKKKAS NGNARPETVT NDDEEALDEE TKRRDQMIKG AIEVLIREYS240  
30 SELNAPSQES DSHPQEEEEG KEGGHFPQIS SGPTDPLSTH H 281

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

35 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

50 CSLVQESLGS LEVQVEEILE TAGVGS LVGV LGFPWEGDSN EVEKTFLLQQ SAAEETVLPS 60  
RPSGIQV TSA LHWFEISARR SPGRLSAQAP TRTGRKYSRC AAS 103

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

15 NISLLDHPGL QSCLYFLFWI LFTNRERYIS AWKWPDVWKL DIWHFGLHSH GYYSHNKDGS 60  
GNSFLDLDP SRYLGIYYIL FCIFLVLWRD SLAIFGLPEY VFCVYSAPVK WFCLVCHNPH120  
GCYMSIS 127

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 382 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 25 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

40 HEVLCCRMALP LQKAKVIRLI KISPEKPITL AVGDGANDVS MIQEAHVIG IMGKEGRQAA 60  
RNSDYAIARF KFLSKLLFVH GHFYIIRIAT LVQYFFYKNV CFITPQFLYQ FYCLFSQQTL120  
YDSVYLTLYN ICFTSLPILI YSLLEQHVDP HVLQNKPTLY RDISKNRLLS IKTFLYWTIL180  
GFSHAFFFF GSYLLIGKDT SLLGNGQMFG NWTFGTLVFT VMVITVTIKM ALETHFWTWI240  
NHLVTWGSII FYFVFSLFYG GILWPFLGSQ NMYFVFIQLL SSGSAWFAII LMVVTCLFLD300  
IHKVFDRLH HPTSTKAQM YSNTVALSDE FIALQPLSRA RNQLSKLSLL KQMQVSSAWT360  
45 PCAVSRKEKQ RVHLLLECWN EL 382

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- 50 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

15 NISLLDHPGL QSCLYFLFWI LFTNRERYIS AWKWPDVWKL DIWHFGLHSH GYYSHNKDGS 60  
GNSFLDLDQP SRYLGIYYIL FCIFLVLWRD SLAIFGLPEY VFCVYSAPVK WFCLVCHNPH120  
GCYMSIS 127

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 382 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 25 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

40 HEVLCCRMALP LQKAKVIRLI KISPEKPITL AVGDGANDVS MIQEAHVGIG IMGKEGRQAA 60  
RNSDYAIARF KFLSKLLFVH GHFYIIRIAT LVQYFFYKNV CFITPQFLYQ FYCLFSQQTL120  
YDSVYLTLN ICFTSLPILI YSLLQHVDP HVLQNKPTLY RDISKNRLLS IKTFLYWTIL180  
GFSHAFFFF GSYLLIGKDT SLLGNGQMFG NWTFTGLVFT VMVITVTIKM ALETHFWTWI240  
NHLVTWGSII FYFVFSLFYG GILWPFLGSQ NMYFVFIQLL SSGSAWFAII LMVVTCLFLD300  
45 IIKKVDFRHL HPTSTKAQM YSNTVALSDE FIALQPLSRA RNQLSKLSLL KQMQRVSSAWT360  
PCAVSRKEKQ RVHLLLECWN EL 382

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- 50 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

QELNKHKIHI LGAQKWPENP SIKQGKYKIK YNRSPGNEMV DPSPKMSFQS HLYCDCNNHD60  
CEDQSAKCPV SKHLAISKQR CIPFY 85

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 496 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

35 RLEKGPLPFQ MPGMRLPETQ VLPGEIDETP LSKPGHDLAS MEDKTEKWSS QPEGPLKLKA 60  
SSTDMPQSIS VVNVDQLWED SVLTVKFPPKL MVPRFSFPAP SSEDVFIPT VREVQCPEAN120  
IDTALCKESP GLWGASILKA GAGVPGEQPV DLNLPLEAPP ISKVRVHIQ AQVESQEVTI180  
HSIVTPEFVD LSVPRTFSTQ IVRESEIPTS EIQTPSYGFS LLKVKIPEPH TQARVYTTMT240  
QHSRTQEGTE EAPIQATPGV DSISGDLQPD TGEFFEMISS SVNVLGQQT LTFEVPSGHQL300  
ADSCSDEEPA EILEFPDDDS QEATTPLADE GRAPKDKPES KKSGLLWFWL PNIGFSSSV D360  
ETGVDSKNDV QRSAPIQTQP EARPEAELPK KQEKAGWFRF PKLGFSSSPT KKSSTEDGA420  
40 ELEEQKLQEE TITFFDARES FSPEEKEEGE LIGPVG TGLD SRVMV TSAAR TELILPEQDR480  
KADDESKGSG LGPNEG 496

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

45 (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

QELNKHKIHI LGAQKWPENP SIKQGYKIK YNRSPGNEMV DPSPKMSFQS HLYCDCNNHD60  
CEDQSAKCPV SKHLAISKQR CIFPY 85

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 496 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

35 RLEKGPLPFQ MPGMRLPETQ VLPGEIDETP LSKPGHDLAS MEDKTEKWSS QPEGPLKLKA 60  
SSTDMPQSIS VVNVDQLWED SVLTVKFPKL MVPFRSFPAP SSEDVFIPT VREVQCPEAN120  
IDTALCKESP GLWGASILKA GAGVPGEQPV DLNLPLEAPP ISKVRVHIQ AQVESQEVTI180  
HSIVTPEFVD LSVPRTFSTQ IVRESEIPTS EIQTPSYGFS LLKVKIPEPH TQARVYTTMT240  
QHSRTQEGTE EAPIQATPGV DSISGDLQPD TGEPPFEMISS SVNVLGQOTL TFEVPSGHQL300  
ADSCSDEEPA EILEFPDDDS QEATTPLADE GRAPKDKPES KKSGLLWFWL PNIGFSSSDV360  
ETGVDSKNDV QRSAPIQTQP EARPEAELPK KOEKAGWFRF PKLGFSSSPT KKSSTEDGA420  
40 ELEEQLQEE TITFFDARES FSPEEKEEGE LIGPVGTLGD SRVMVTSAAAR TELILPEQDR480  
KADDESKGSG LGPNEG 496

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

45 (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

5

SLPASYMYWDS KSHSLKFLLA TSLQTAVQMR SQQKFLSFPL MIAKRQPHHW QMKAGLQKTN 60  
QKVKNLVCSG FGFQTLGFPL LLMRQVLIPK MTSRDLLPFK HSLRHDQRQN CLKNNRRRQAG120  
SDFPN 125

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

30

MGADLWTSFL ESTPVSSSTEE ENPMFGSQNQ SRPDFLLSGL SFGALPSSAS GVVASWLSSG 60  
GNSRISAGSS SEQLSASWWP EGTSNVSVCC PSTLTLEEII SNGSPVSGWR SPEMESTPGV120  
ACMGASSVPS 130

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

50

VVYRGVKCFI DKKKKTALEP TYSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSFFFLFSA 60  
LTTFFFAASG FPLARYAAIS FSYFSFTSQP SFHKAACHLQ QCYSTSLPVS SQHHQWTGQD120  
VLL 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:



## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

5

SLPASYMYWDS KSHSLKFLLA TSLQTAVQMR SQQKFLSFPL MIAKRQPHHW QMKAGLQKTN 60  
QKVKNLVCSG FGFQTLGFPL LLMRQVLIPK MTSRDLLPFK HSLRHDQRQN CLKNRRRQAG120  
SDFPN 125

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

30

MGADLWTSFL ESTPVSTEE ENPMFGSQNQ SRPDELLSGL SFGALPSSAS GVVASWLSSG 60  
GNSRISAGSS SEQLSASWWP EGTSNVSVCC PSTLTLEEII SNGSPVSGWR SPEMESTPGV120  
ACMGASSVPS 130

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

50

VVYRGVKCFI DKKKKTALEP TYSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSFFFLFSA 60  
LTTFFFAASG FPLARYAAIS FSYFSFTSQP SFHKAACHLQ QCYSTSLPVS SQHHQWTGQD120  
VLL 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KKLYLLRSIQ NVNKTAAIFF LQLQSGIQLT EQQLSSYKLH QRQLKMKKIK PKKKTKRKKK 60  
KKQKTKLPSP YITNLCCAPT RTCFKFPCQF TTPILYQARL VAIENTTRTG LSKDTFGSVL120  
TIQKKTLYSL KTNLTQPYIS IFFFKRSELC TGGLNAL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

LNMGKGDPKK PRGKMSSYAF FVQTCREEHK KKHPDASVNF SEFSKKCSER WKTMSAKEKG 60  
KFEDMAKADK ARYEREMKTY IPPKGETKKK FKDPNAPKRP PSAFFLEFCSE YRPKIKGEHP120  
GLSIGDVAKK LGEMWNNTAA DDKQPYEKA AK 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KKLYLLRSIQ NVNKTAAIFF LQLQSGIQLT EQQLSSYKLH QRQLKMKKIK PKKKTKRKKK 60  
KKQKTKLPSP YITNLCCAPT RTCFKFPCQF TTPILYQARL VAIENTTRTG LSKDTFGSVL120  
TIQKKTLYSL KTNLTQPYIS IFFFKRSELC TGGLNAL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

LNMGKGDPPK PRGKMSSYAF FVQTCREEHK KKHPDASVNF SEFSKKCSER WKTMSAKEKG 60  
KFEDMAKADK ARYEREMKTY IPPKGETKKK FKDPNAPKRP PSAFFLFCSE YRPKIKGEHP120  
GLSIGDVAKK LGEMWNNTAA DDKQPYEKKA AK 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

10 SGSAGPGPRG PRATESGKRM DCPALPPGWK KEEVIRKSGL SAGKSDVYYF SPSGKKFRSK 60  
PQLARYLGNT VDLSSFDERT GKMMPSKLQK NKQRLRNDPL NQNGKGPDLN TTLPIRQTAS120  
IFKQPVTKVT NHPSNKVKSD PQRMNEQPRQ LFWEKRLQGL SASDVTEQII KTMELPKGLQ180  
GVGPGSNDDET LLSAVASALH TSSAPITGQV SAAVEKNPAV WLNTSQPLCK AFIVTDEDIR240  
KQEERVQQVR KKLEEALMAD ILSRAADTEE MDIEMDSGDE A 281

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

35 IIDIIYIKNTS KKALVSAIKK LYVLGYIFFL TGKSQWKHFC SISRNFLLGK VGRKLPDHIL 60  
RLHLHCPFFQY PSLLYQQLAT RCLPSVLLPI SCVLAVLALP VS 102

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IYTSKIHLKR HWLVLLKSSM CSGTFFFLQA KASGNIFVQF LGIFSWGKSV ESYLIIFLGF 60

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

10 SGSAGPGPRG PRATESGKRM DCPALPPGWK KEEVIRKSGL SAGKSDVYYF SPSGKKFRSK 60  
PQLARYLGNT VDLSSFDERT GKMMPSKLQK NKQRLRNDPL NQNGKGPLN TTLPIRQTAS120  
IFKQPVTKVT NHPSNVKSD PQRMNEQPRQ LFWKRLQGL SASDVTEQII KTMELPKGLQ180  
GVGPGSNDL LLSAVASALH TSSAPITGVV SAAVEKNPAV WLNTSQPLCK AFIVTDEDIR240  
KQEERVQVR KKLEALMAD ILSRAADTEE MDIEMDSGDE A 281

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

35 IIDIIYKNTS KKALVSAIKK LYVLGYIFFL TGKSQWKHFC SISRNFLGK VGRKLDPHIL 60  
RLHLHCPFFQY PSLLYQQLAT RCLPSVLLPI SCVLAVLALP VS 102

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IYTSKIHLKR HWLVLLKSSM CSGTFFFLQA KASGNIFVQF LGIFSWGKSV ESYLIIFLGF 60

ISTVHFNIHL FCISSSRQDV CHQCFQFLA YLLYSLEFLP DVFICDNKSF AEGLRCVKPN120  
SRVLFHSSGD LPCDWRRACV QSTGNSR 147

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ECPLGARGPW EPRHPFPLGR GARSRHPCTH GRLAPPQSFP HSQQPFHSHC PSRSPQPSLR60  
25 PHPHPLRAQG CNPSLSTTHR WYSWG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

NALWGPAGPG SPATLSHLA G VFAAATPARM AGWHPPRALP TASSLSTVTA LPAVPSLPYG 60  
45 LTRTPSEPR ATPHYPPRTD GTAGAEQPHV EPERVPGARG QDAGGRMTAC PCLTSWGTTTL120  
DRGIGQDP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

ISTVHFNIHL FCISSSRQDV CHQCFQFLA YLLYSFLFLP DVFICDNKSF AEGLRCVKPN120  
SRVLFHSSGD LPCDWRRACV QSTGNSR 147

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ECPLGARGPW EPRHFFPLGR GARSRHPCTH GRLAPPQSPP HSQQPFHSHC PSRSPQPSLR60  
25 PHPHPLRAQG CNPSLSTTHR WYSWG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

45 NALWGPGAPG SPATLSHLA GVPAAATPARM AGWHPPRALP TASSLSTVTA LPAVPSLPYG 60  
LTRTPSEPR ATPHYPPRTD GTAGAEQPHV EPERVPGARG QDAGGRMTAC PCLTSWGTTTL120  
DRGIGQDP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- 50 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

MPFGGQGPLG APPFPFTWPG CPQPPPLHAW QAGTPPEPSP QPAAFPQSLP FPQSPAFPTA 60  
SPAPPQSPGL QPLIIHHAQM VQLGLNNHMW NQRGSQAPED KTQEAE 106

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

35

GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPN CPRPS PEVGVTNSSG60  
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

40

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

MPFGGQGPLG APPPFPTWPG CPQPPPLHAW QAGTPPEPSP QPAAFPQSLP FPQSPAFTTA 60  
SPAPPQSPGL QPLIIHHAQM VOLGLNNHMW NQRGSQAPED KTQEAE 106

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

35 GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPO SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVTNSSG60  
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

40 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

PPTHTRQVGE EIQSCHGENS SVSILAPCGP LLHSGQRYHS QTWSQKGHGK LSTQTAPDPL60  
QRLG 64

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

RLSCAGTLSG SGPHPSSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60  
KKDTKDSRPK LPQTLSRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIIHLD ECPHSQALKK120  
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180  
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RVFQEEELVR RQRNGASGPR PGLRRLRGGR RAVRRKERLL HRQLPAVHKR GARVKLSSPE 60  
RDVERDVFLY RAYLAQRKFG VVLDEIKPSS APELQAVRMF ADYLAHESRR DSIVAELDRE120  
MSRSVDVTNT TFLMAASIY LHDQNPDAAL RALHQGDSLE CTAMTVQILL KLDRLDLARK180  
ELKRMQDLDE DATLTQLKVL VSLQRV 206

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

PPTHTRQVGE EIQSCHGENS SVSILAPCGP LLHSGQRYHS QTWSQKGHGK LSTQTAPDPL60  
QRLG 64

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

25 RLSCAGTLSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60  
KKDTKDSRPK LPQTLSRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIIHHL D ECPHSQALKK120  
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180  
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RVFQEEELVR RQRNGASGPR PGLRRLRGGR RAVRRKERLL HRQLPAVHKR GARVKLSSPE 60  
RDVERDVFLY RAYLAQRKFG VVLDEIKPSS APELQAVRMF ADYLAHESRR DSIVAELDRE120  
MSRSVDVTNT TFLMAASIY LHDQNPDAAL RALHQGDSLE CTAMTVQILL KLDRLDLARK180  
50 ELKRMQDLDE DATLTQLKVL VSLQRV 206

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

LPRPRESEGO HRGRAGPRDE QERGRDQHHL PAHGRHLHLS RPEPGCRPAC AAPGGQPGVH 60  
SHDSADPAEA GPPGPRPEGA EENAGPGRGC HPHPAQGLGK LATGVKAQGS F 111

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

GTILPIPEIR RILELLHPLQ AYQDLELGEG GILVQVLHSL QLLPGEVQAV QLQQDLHCHG 60  
CALQAVPLVQ RTQGGIRVLV VEIDGGGHEQ EGGVGHVHAP AHLVQLGHD AVPPTLVGEV120  
40 VSKHAHGLEL RGRGGLDLIQ DHTELPLRQV RSIQEDVPLH VSLWA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

LPRPRESEQQ HRGRAGPRDE QERGRDQHHL PAHGRHLHLS RPEPGCRPAC AAPGGQPGVH 60  
SHDSADPAEA GPPGPRPEGA EENAGPGRGC HPHPAQGLGK LATGVKAQGS F 111

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

GTILPIPEIR RILELLHPLQ AYQDLELGEG GILVQVLHSL QLLPGEVQAV QLQQDLHCHG 60  
CALQAVPLVQ RTQGGIRVLV VEIDGGGHEQ EGGVGHVHAP AHLVQLGHD AVPPTLVGEV120  
40 VSKHAHGLEL RGRGGLDLIQ DHTEPLRQV RSIQEDVPLH VSLWA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

LLSMRMILKP QSFMILMMLR SSNRVTWKL LIGLDYIRYQ MENQKTSLLL MENSCTRLLL60  
LKLLNPLINV GKHCL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 340 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

RTVIDAMSAL LRLRLTGAPA AACLRLGTSA GTGSRRAMAL YHTEERGQPC SQNYRLFFKN 60  
VTGHIYISPFH DIPLKVNSKE ENGIPMKKAR NDEYENLFNM IVEIPRWTNA KMEIATKEPM120  
NPIKQYVKDG KLRYVANIFP YKGYIWNYSY LPQTWEDPHE KDKSTNCFGD NDPIDVCEIG180  
SKILSCGEVI HVKILGILAL IDEGETDWKL IAINANDPEA SKFHDIDDKV KFKPGYLEAT240  
LNWFRLYKVP DGKPNQFAF NGEFKNKAF LEVIKSTHOC WKALLMKKCN GGAINCTNVQ300  
ISDSPFRCTQ EEARSLVESV SSSPNKESNE EEQVWHFLGK 340

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

LSILYILFNG IHWLLGGNLH FSICPPRYFY NHIKQILIFI ISCFLHRNAI FLFRVHLQRN 60

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

LLSMRMILKP QSFMI LMLR SSNRVTWKLL LIGLDYIRYQ MENQKTSLLL MENSCTRLLL60  
LKLLNPLINV GKHCL 75

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 340 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

RTVIDAMSAL LRLRLTGAPA AACLRLGTSA GTGSRRAMAL YHTEERGQPC SQNYRLFFKN 60  
VTGHYISPFH DIPLKVSKE ENGIPMKKAR NDEYENLFNM IVEIPRWTNA KMEIATKEPM120  
NPIKQYVKDG KLRYVANIFP YKGYIWN YGT LPQTWEDPHE KDKSTNCFGD NDPIDVCEIG180  
SKILSCGEVI HVKILGILAL IDEGETDWKL IAINANDPEA SKFHDIDDVK KFKPGYLEAT240  
LNWFRLYKVP DGKPNQFAF NGEFKNKAFA LEVIKSTHQC WKALLMKKCN GGAINCTNVQ300  
ISDSPFRCTQ EEARSLVESV SSSPNKESNE EEQVWHFLGK 340

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

LSILYILFNG IHWLLGGNLH FSICPPRYFY NHIKQILIFI ISCFLHRNAI FLFRVHLQRN 60

IMKGGNVVTS YILKEEAVIL RAGLAALLSV VQGHSTARPG PCTGPQPQAR SGWGTRAQQP120  
QQRAGVNDG P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

5

- (A) LÄNGE: 436 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

GRGMGRVQLF EISLSHGRVV YSPGEPLAGT VRVRLGAPLP FRAIRVTCIG SCGVS NKAND 60  
TAWVVEEGYF NSSLSLADKG SLPAGEHSFP FQFLLPATAP TSFEGPFGKI VHQVRAAIHT120  
25 PRFSKDHKCS LVFYILSPLN LNSIPDIEQP NVASATKKFS YKLVKTGSVV LTASTDLRGY180  
VVGQALQLHA DVENQSGKDT SPVVASLLQK VSYKAKRWIH DVRTIAEVEG AGVKAWRRAQ240  
WHEQILVPAL PQSALPGCSL IHIDYYLQVS LKAPEATVTL PVFIGNIAVN HAPVSPRPGL300  
GLPPGAPPLV VPSAPPQEEA EAEAAAGGPH FLDPVFLSTK SHSQRQPLLA TLSSVPGAPE360  
PCPQDGSPAS HPLHPPLCIS TGATVPYFAE GSGGPVPTTS TLILPPEYSS WGYPYEAPPS420  
30 YEQSCGGVEP SLTPES 436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SVLFTGVVSP GPSSLPPPPQ PQGEEGGCRG AGRGWAGPEW ARLGQERRHE ALGAPVPGQR 60  
50 PGLPGEGSTG SALRGQAGFH AAAALLIRRW GLIGVAPRTV LWRKNQAGS GHWPPGALCK120  
VGDSGTC 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:



IMKGGNVVTS YILKEEAVIL RAGLAALLSV VQGHSTARPG PCTGPPQAR SGWGTRAQQP120  
 QQRAHGVNDG P 131

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

5

- (A) LÄNGE: 436 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

25

GRGMGRVQLF EISLSHGRVV YSPGEPLAGT VRVRLGAPLP FRAIRVTCIG SCGVSNNKAND 60  
 TAWVVEEGYF NSSLSLADKG SLPAGEHSFP FQFLLPATAP TSFEGPFGKI VHQVRAAIHT120  
 PRFSKDHKCS LVFYILSPLN LNSIPDIEQP NVASATKKFS YKLVTGSGVV LTASTDLRGY180  
 VVGQALQLHA DVENQSGKDT SPVVASLLQK VSYKAKRWIH DVRTIAEVEG AGVKAWRRRAQ240  
 WHEQILVPAL PQSALPGCSL IHIDYYLQVS LKAPEATVTL PVFIGNIAVN HAPVSPRPGL300  
 GLPPGAPPLV VPSAPPQEEA EAEAAAGGPH FLDPVFLSTK SHSQRQPLLA TLSSVPGAPE360  
 PCPQDGSPAS HPLHPFLCIS TGATVPYFAE GSGGPVPTTS TLILPPEYSS WGYPYEAPPS420  
 YEQSCGGVEP SLTPES 436

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

35

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

50

SVLFTGVVSP GPSSLPPPPQ PQGEEGGCRG AGRGWAGPEW ARLGQERRHE ALGAPVPGQR 60  
 PGLPGEGSTG SALRGQAGFH AAAALLIRRW GLIGVAPRTV LWRKNQGAGS GHWPPGALCK120  
 VGDSGTC 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 213 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

LVLNVGMQLQ CLPHHIAAEI SAGCEDHAAR LHQLVGELLG GRGHVGLLNV WDAVQVQGAQ 60  
 DIEHEAALVI LGKPWRVDGG PHLVHDLPER TLKGRGCSGR KQELEGEAVL SSGQAPLVCQ120  
 RQGTVEVTLL HYPRCVISLV GDPAGTYAGH PDGSEQRCP QAHAGGPSQR LPGAVDDAAV180  
 20 AQADLEELHS PHAAASPASR AATPPPAARE SRL 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 635 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

GGVSPWRACV QORMEESPE RKRARTDEVP AGGSRSEAED EDDDYVPYV PLRQRRQLLL 60  
 QKLLQRRRK G AAEQQDSG SEPRGDEDDI PLGPQSNVSL LDQHQLKEK AEARKESAKE120  
 KQLKEEEKIL ESVAEGRALM SVKEMAKGIT YDDPIKTSWT PPRYVLSMSE ERHERVRKKY180  
 HILVEGDGIP PPIKSFEMK FPAAILRGLK KKGIIHPTPI QIQGIPTILS GRDMIGIAFT240  
 GSGKTLVFTL PVIMFCLEQE KRLPFSKREG PYGLIICPSR ELARQTHGIL EYYCRLLED300  
 45 SSPLLRALC IGGMSVKEQM ETIRHGVHMM VATPGRMLDL LQKKMVSLDI CRYLALDEAD360  
 RMIDMGFEED IRTIFSFKG QRQTLFSAT MPKKIQNFAK SALVKPVTIN VGRAGAASLD420  
 VIQVEYVKE EAKMVYLEC LQKTPPPVLI FAEKKADVDA IHEYLLKGV EAVAIHGGKD480  
 QEERTKAIEA FREGKDVLD ATDVASKGLD FPAIQHVINY DMPEEENYV HRIGRTGRSG540  
 NTGIATTFIN KACDESVMMD LKALLLEAKQ KVPPVLQVLH CGDESMLDIG GERGAFCGG600  
 50 LGHRITDCPK LEAMQTKQVS NIGRKDYLAH SSMDF 635

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

- (A) LÄNGE: 213 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

LVLNVGMQLQ CLPHHIAAEI SAGCEDHAAR LHQLVGELLG GRGHVGLLNV WDAVQVQGAQ 60  
DIEHEAALVI LGKPWRVDGG PHLVHDLPER TLKGRGCSGR KQELEGEAVL SSGQAPLVCQ120  
RQGTVEVTLL HYPRCVISLV GDFAGTYAGH PDGSRQRCP QAHAHGPSQR LPGAVDDAAV180  
20 AQADLEELHS PHAAASPASR AATPPPAARE SRL 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 635 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

40 GGVSPWRACV QORMEESPE RKRARTDEVP AGGSRSEAED EDDDYVPYV PLRQRRQLLL 60  
QKLLQRRRK G AAEQQQDSG SEPRGDEDDI PLGPQSNVSL LDQHQLKEK AEARKESAKE120  
KQLKEEEKIL ESVAEGRALM SVKEMAKGIT YDDPIKTSWT PPRYVLSMSE ERHERVRKKY180  
HILVEGDGIP PPIKSFKEK FPAAILRGLK KKGIIHPTPI QIQGIPTILS GRDMIGIAFT240  
45 GSGKTLVFTL PVIMFCLEQE KRLPFSKREG PYGLIICPSR ELARQTHGIL EYYCRLLED300  
SSPLLRCALC IGGMSVKEQM ETIRHGVHMM VATPGRMLDL LQKKMVSLDI CRYLALDEAD360  
RMIDMGFECD IRTIFSIFKG QRQTLLFSAT MPKKIQNFAK SALVKPVTIN VGRAGAASLD420  
VIQEVYVKE EAKMVILLEC LQKTPPPVLI FAEKKADVDA IHEYLLKGV EAVAIHGGKD480  
QEERTKAIEA FREGKDVLD ATDVASKGLD FPAIQHVINY DMPEEIEINY HRIGRTGRSG540  
50 NTGIATTFIN KACDESVMMD LKALLLEAKQ KVPPVLQVLH CGDESMLDIG GERGAFCGG600  
LGHRITDCPK LEAMQTKQVS NIGRKDYLAH SSMDF 635

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

15

KPSRRRCRPCC RCCIAGMSPC WTLEESAAPV SAGAWVIGSL TAPNSRLCRP SRSATSVART 60  
TWPTAPWTSE PTVFPSLQEA SVPKTATSLH IQQPPGQNH FSSAGLEWAR LVLAACSLCS120  
SELLFLFFFT PAAIKAQTSS PKKKKKK 147

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

40

DILLALPECL DGLSPFLLVF APMDGYGLNP LEQQVLVDGV HVCLLLCKDE YRRGCLLQAL 60  
EQVHHLGLLL HIFYLLDDIQ AGSPSAPHID GHRLYKGTLS KVLNLLRHGG TEEQGLSLAL120  
EVGEDGTDVT LEAHVDHAVS LVQGQVATDV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194

45

(A) LÄNGE: 310 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

KPSRRRCRPCC RCCIAGMSPC WTLEESAAPV SAGAWVIGSL TAPNSRLCRP SRSATSVART 60  
TWPTAPWTSE PTVFPSLQEA SVPKTATSLH IQQPPGQNH FSSAGLEWAR LVLAACSLCS120  
SELLFLFPFT PAAIKAQTSS PKKKKKK 147

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 25 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

40 DILLALPECL DGLSPFLLVF APMDGYGLNP LEQQVLVDGV HVCLLLCKDE YRRGCLLQAL 60  
EQVHHLGLLL HIFYLLDDIQ AGSPSAPHID GHRLYKGTLS KVLNLLRHGG TEEQGLSLAL120  
EVGEDGTDVT LEAHVDHAVS LVQGQVATDV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194

- 45 (A) LÄNGE: 310 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

10 EAPAAARTQS PAAAAQRGDN VYVTEVLQT QKEVEVTRTH KREGSGRFSL PGATCLQEG 60  
QGHLSQKKT V TIPSGSTLAF RVAQLVIDSD LDVLLFPDKK QRTFQPPATG HKRSTSEGAW120  
PQLPSGLSMM RCLHNFLT DG VPAEGAFTED FQGLRAEVET ISKELELLDR ELCQLLEGL180  
EGVLRDQLAL RALEEAEQ QSLGPVEPLD GPAGAVLECL VLSSGMLVPE LAIPVVYLLG240  
ALTMLSETQH KLLAEALESQ TLLGPLELVG SLLEQSAPWQ ERRPCPCPPG SWGTAGAKEH300  
15 RPGSCWTSVA 310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
20 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

35 TTGIASSGTS IPEDNTRHSR TAPAGPSRGS TGPRLWPCSS ASSKARRASW SRSTPSRPSS 60  
SSWHSSLSKS SSSLEMVSTS ARRPWKSSVN APSAGTPSVR KLWRHLIMER PEGSCGQAPS120  
LVERLWPVAG GWKVLCLSG KRRTSKSESI TSWATRNARV LPEGMVTVFF WLRWPWPSPC180  
KHAVAPGRENR PEPSRLWVRV TSTSFCVCST SVTTYTLSPR CAAAAGLCVL AAAGASHGAE240  
SARC 244

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196

(A) LÄNGE: 229 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

10 EAPAAARTQS PAAAAQRGDN VYVVTEVLQT QKEVEVTRTH KREGSGRFSL PGATCLQEG 60  
QGHLSQKKTV TIPSGSTLAF RVAQLVIDSD LDVLLFPDKK QRTFQPPATG HKRSTSEGAW120  
PQLPSGLSMM RCLHNFLTGD VPAEGAFTED FQGLRAEVET ISKELELLDR ELCQLLEGL180  
EGVLRDQLAL RALEEALQEQ QSLGPVEPLD GPAGAVLECL VLSSGMLVPE LAIPVVYLLG240  
ALTMLSETQH KLLAEALSEQ TLLGPLELVG SLLEQSAPWQ ERRPCPCPPG SWGTAGAKEH300  
15 RPGSCWTSVA 310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

35 TTGIASSGTS IPEDNTRHSR TAPAGPSRGS TGPRLWPCSS ASSKARRASW SRSTPSRPSS 60  
SSWHSSLSKS SSSLEMVSTS ARRPWKSSVN APSAGTPSVR KLWRHLIMER PEGSCGQAPS120  
LVERLWPVAG GWKVLCLSG KRRTSKSESI TSWATRNARV LPEGMVTVFF WLRWPWPSPC180  
KHAVAGRENH PEP SRLWVRV TSTSFVCVST SVTTYTLSPR CAAAAGLCVL AAAGASHGAE240  
SARC 244

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196

(A) LÄNGE: 229 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

5

TGHMATGLLA FLGLAAGGQT LCPAGELPGH ARAQASGAPG SVLIAVPGRR RVHTCGPGPA 60  
APSTRGECPP PALGHTRPAR PRPVLLRPSC SPGARGAGTW SALLPRGTLL QEAAHQLERP120  
QQGLRLQRLR QQVLVLRFTQH GQCPQQVDNR DSEFRHQHSG GQHQALQDST CWTVQGLHRP180  
KALALLQRLR QGSQGQLVPQ HPLQALQQQL AQLSVQKLQF LGDGLHLCF 229

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

TEILPVFVRL AGVPICSTGN ASAMLQPQKP GLSLQQQAEP CLWSGAVHSS VCLVLGLELD60  
30 RGGVSSPSLN SEQTLCCLAPV CPGNSPGPHW EPLVF 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

50 AVPRGSLRED GKVRCSNLL MAGSPLCPLS LALVIAELCA QCCGLAVARL FLWGARAGCG 60  
NQSSQTDVSQ AEDSFLAEVS PHLQVSGWGG ARRGRHTPCL T 101



## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

TGHMATGLLA FLGLAAGGQT LCPAGELPGH ARAQASGAPG SVLIAVPGRR RVHTCGPGPA 60  
APSTRGECPP PALGHTRPAR PRPVLLRPSC SPGARGAGTW SALLPRGTLL QEAAHQLERP120  
QQGLRLQRLR QQLVLRFTQH GQCPQQVDNR DSEFRHQHSG GQHQAQDST CWTVQGLHRP180  
KALALLQRL L QSGQQLVPQ HPLQALQQQL AQLSVQKLQF LGDGLHLCF 229

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

TEILPVFVRL AGVPICSTGN ASAMLQPKP GLSLQQQAEP CLWSGAVHSS VCLVLGLELD60  
RGGVSSPSLN SEQTLCLAPV CPGNSPGPHW EPLVF 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

AVPRGSLRED GKVRCMSNLL MAGSPLCPLS LALVIAELCA QCCGLAVARL FLWGARAGCG 60  
NQSSQTDVSQ AEDSFLAEVS PHLQVSGWGG ARRGRHTPCL T 101

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199

- 5 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

20 VRHTSHLAVL TQGAPGHCSC AAWALLLRTP RAPNEGLGNC LGTLGPGTGS VLNSGKVKRP 60  
HLYPAQAQEQ GRQSCGQHPT TDTVLPAAGV RGLVSEAAAW HWHCLCYRWG LLRVSQIQGE120  
FQFTQPKGPV CRAALTRAQQ HSTELGKGRG ERVKD 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200

- 25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

45 RMKCSQPPRC HFQSDFOKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60  
SGVGWVVSPP IQTQEVAPPEG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF120  
SLWAHQDAPR RACARVPT 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201

- 50 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199

- 5 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

20 VRHTSHLAVL TQGAPGHCSC AAWALLLRTP RAPNEGLGNC LGTLGPGTGS VLNSGKVKRP 60  
HLYPAQAQEQ GRQSCGQHPT TDTVLPAAGV RGLVSEAAAW HWHCLCYRWG LLRVSQIQGEI20  
FQFTQPKGPV CRAALTRAQQ HSTELGKGRG ERVKD 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200

25

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RMKCSQPPRC HFQSDFOKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60  
SGVGWVVSPP IQTQEVAP EG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF120  
45 SLWAHQDAPR RACARVPT 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201

- 50 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

VHGREARLGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAGACPR VTAWRCWGSG 60  
HLPCLCQEG EAFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIPC HAGPLEQVGW GWYVLSPQPW120  
QPCPLGKVIS DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

RLFIGCSLQN KQRWDWGPSL GPCTPLSRAY NHVHRPGRGP ALCPTKSSLH QSSWSPPLRD 60  
PAQLPRSWG I GTRVPWRVQE MRRIPCTLR TTPPELWSRG HCERRQRERH VEDTLTDPVG120  
SGRAEDRHTK P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

VHGREARLGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAGACPR VTAWRCWGS 60  
HLPCLCQEG EAFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIPC HAGPLEQVGW GWYVLSPQPW120  
QPCPLGKVIS DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

RLFIGCSLQN KQRWDWGPSL GPCTPLSRAY NHVHRPGRGP ALCPTKSSLH QSSWSPPLRD 60  
PAQLPRSWG I GTRVPWRVQE MRRIPCTLR TTPPELWSRG HCERRQRERH VEDTLTDPVG120  
SGRAEDRHTK P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

LAAIKDQLEG VQQALSQAAP IPEEDTDTEE GDDFELLDQS ELDQIESELG LTQDQEAEAQ60  
QNKKSSGFLS NLLGGH 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

RVCSKHFLRL PPSQKRTQTL KKVMTLNYLT SQSWIKLRVN WDLHKTRKQK HSKIRSLQVS 60  
FQICWEAINL GISLQQSTKN TKKISNKKKK KKRKRKKLNC KL 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

ICLHHNHCLC DTQLLAFYGL IPPTARLEMA VNGACFFTNK PKSTTAEITW KRFSLSRVLK60  
YTFKFFPKKL ILIVFPKSFN 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

LAAIKDQLEG VQQALSQAAP IPEEDTDTEE GDDFELLDQS ELDQIESELG LTQDQEAQ60  
QNKSSGFLS NLLGGH 76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

RVCSKHFLRL PPSQKRTQTL KKVMTLNYLT SQSWIKLRVN WDLHKTRKQK HSKIRSLQVS 60  
FQICWEAINL GISLQQSTKN TKKISNKKKK KKRKRKKLNC KL 102

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

ICLHHNHCLC DTQLLAFYGL IPPTARLEMA VNGACFFTNK PKSTTAEITW KRFSLSRVLK60  
YTFKFFPKKL ILIVFPKSFN 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

GKPAALEAHQ GSRLQGRSRE QAAIPPLLSS RTQLCGLGFL FAGLAPCTRL VLELEGPILP60  
RGDSQGCRCI GWRRVL 76

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

NLRVSQLPWK PTRAPDCREE AGSRQPYLHS CPQGLSCVAL DFFLRDLRPA GHWCWSWRVL60  
SCPGVTPRVA GG 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja



5 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

20 GKPAALEAHQ GSRLQGRSRE QAAIPPLLSS RTQLCGLGFL FAGLAPCTRL VLELEGPILP60  
RGDSQGCRGI GWRRVL 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207

25 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

40 NLRVSQLPWK PTRAPDCREE AGSRQPYLHS CPQGLSCVAL DFFLRDLRPA GHCWSWRVL60  
SCPGVTPRVA GG 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208

45 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

10 PGMSSLQDRH GRTIWFQVGP YCSHRQRPQE ADGWKRGVTI TGVVMLRVCL DPPRTTLFLR60  
VTPLPSHASQ GCS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209

15 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

30 QRWLWTSSTS PCWIRAFLLP AGQVWPCSLG RAPAPLTTLQ LTMQLMPKLW CPVCSSPGSH 60  
CHLQRGSLLR PTLHLAPPW LLAWNLAFC AMLELELLLF FRGGNRVESG KGLAPKCCCC120  
GFFAFSKDAL PGPKLQTAVL SKQVRS LGFG AHLLSGSISI LLATSGQRP PQPHIARCWQ180  
KG 182

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210

40 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

10 PGMSSLQDRH GRTIWFQVGP YCSHRQRPQE ADGWKRGVTI TGVVMLRVCL DPPRTTLFLR60  
VTPLPSHASQ GCS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

30 QRWLWTSSTS PCWIRAFLLP AGQVWPCSLG RAPAPLTTLQ LTMQLMPKLW CPVCSSPGSH 60  
CHLQRGSLLR PTLHLAPPW LLAWPNLAF AMLELELLLF FRGGNRVESG KGLAPKCCCC120  
GFFAFSKDAL PGPKLQTAVL SKQVRS LGFG AHLLSGSISI LLLATSGQRP PQPHIARCWQ180  
KG 182

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

VGPGKQPWWG QVKQCGSQQG TPLKVAVAPR AAAHWTPQLW HQLHGELQSG QRGWGPAKRA 60  
RPDLPSGRQE GPDPARSRG SPQPPLLLIA TGTSGDRLCS WESRSPGFVG LPAGDRHVSH120  
RERPGSRPQL 130

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VTGKGRDPGL SCSSSWKRWS RTVTIHADTE QQYETEQLRA VSSSAEAWA ATPPFCNHPM 60  
MSPPHLTSRW GWMAEQMKPA LWRGSLTEMH TFMGEVDGHL TSLMFHTVDC T 111

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212

(A) LÄNGE: 243 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

DVQVAGPEPD CRVHSHVLPQ QAHRLAPGPY SVGESLQPRE GCEDCDRQKA NLRIRFKPSL 60  
FQHVGTSSSL AGKIQKLKDK DFGKQALRKE HVNPPAEVST SLKTYQHFTL EKAYLREDF120  
WAFTPAAGDF IRFRFFQPLR LERFFFRSGN IEHPEDKLFN TSVEVLPFDN PQSDKEALQE180  
GRTATLRYPR SPDGYLQIGS FYKGVAEGEV DPAFGPLEAL RLSIQTDSPV WVILSEIFLK240  
KAD 243

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213

50

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

VGPGKQPWWG QVKQCGSQQG TPLKVAVAPR AAAHWTPQLW HQLHGELQSG QRGWGPAKRA 60  
RPDLPSGRQE GPDPARSRG SPQPPLLLIA TGTSGDRLCS WESRSPGFVG LPAGDRHVSH120  
RERPGSRPQL 130

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VTGKGRDPGL SCSSSWKRWS RTVTIHADTE QQYETEQLRA VSSSAEAWA ATPPFCNHPM 60  
MSPPHLTSRW GWMAEQMKPA LWRGSLTEMH TFMGEVDGHL TSLMFHTVDC T 111

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212

(A) LÄNGE: 243 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

DVQVAGPEPD CRVHSHVLPQ QAHRLAPGPY SVGESLQPRE GCEDCDRQKA NLRIRFKPSL 60  
FQHVGTSSSL AGKIQKLKDK DFGKQALRKE HVNPPAEVST SLKTYQHFTL EKAYLREDF120  
WAFTPAAGDF IRFRFFQPLR LERFFFRSGN IEHPEDKLFN TSVEVLPPDN PQSDKEALQE180  
GRATLRYPR SPDGYLQIGS FYKGVAEGEV DPAFGPLEAL RLSIQTDSPV WVILSEIFLK240  
KAD 243

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213

50

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

15

GRTGVSVMVG IPSVRREVHS YLTDTLHSLI SELSPQEKED SVIVVLIAET DSQYTSVTE 60  
NIKALFPTEI HSGLLLEVIS SPHFYPDFSR LRESFGDPKE RVRWRKQNL DYCFLMMYAQ120  
SKGIYYVQLE DDIVAKPNYL STMKNFALQQ PSEDWMILEF SQLGFIGKMF KSLDLSLIVE180  
FILMFYRDKP IDWLLDHILW VKVCNPEKDA KTVTGRKPTC GSASNRPSST TWALTPRWLA240  
20 RSRN 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214

25 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

40

PAESQPADPL QTVPLPARGH SLLAGWQDPE TEGQRLWKAG AAEGACEPAS RGEHEPEDIP 60  
ALHPGESLPA RGLLLGLHPC RGGLHPLPLL PTSKTGAVLL PQWEHRAPGG QALQHVCGGA120  
ALRQPSVRQG GPAGGPHRHP PVPSEPRRLP PDRLLQSGSG RGRGGPSLRP SGSTAPLDPD180  
45 GLPCVGDSE DLPEKGRSLSC GLLRVPCGQP 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

15 GRTGVSVMVG IPSVRREVHS YLTDTLHSLI SELSPQEKED SVIVVLIAET DSQYTSVTE 60  
NIKALFPTEI HSGLLLEVIS SPHFYPDFSR LRESFGDPKE RVRWRTKQNL DYCFLMYAQ120  
SKGIYYVQLE DDIVAKPNYL STMKNFALQQ PSEDWMILEF SQLGFIGKMF KSLDLSLIVE180  
FILMFYRDKP IDWLLDHILW VKVCNPEKDA KTVTGRKPTC GSASNRPSST TWALTPRWLA240  
20 RSRN 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214

25 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

40 PAESQPADPL QTVPLPARGH SLLAGWQDPE TEGQRLWKAG AAEGACEPAS RGEHEPEDIP 60  
ALHPGESLPA RGLLLGLHPC RGGLHPLPLL PTSKTGAVLL PQWEHRAPGG QALQHVCGGA120  
ALRQPSVRQG GPAGGPHRHP PVPSEPRRLP PDRLLLQSGS RGRGGPSLRP SGSTAPLDPD180  
45 GLPCVGDSEK DLPEKGRLSC GLLRVPCGQP 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215

50 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

GGAGLVHGSA DWPC LAPWRV SSCFLPGTEL RGLGAPGAKS RLWCRGGGLS LNRHPEVLLR 60  
CWWHPPEWHGE QLWFPVLLPRP VLGKLSSGPS LQRPRMGWVW GTHGEWPEEL RVKRAPVCWL120  
QRP GAPLS

15

128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

FPQDWPRKEH RPQLLPVPLR VDPASQEHLR VSVKRQASTP APEPALSSRC PQTPQLCARQ 60  
35 EAARHTPGRQ ARPVRGPMDB PSPASGKTGP FPTGHAPELW QIAGAIVWGE FNKSPFENEK120  
K K K K

124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217

40

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

GGAGLVHGSA DWPC LAPWRV SSCFLPGTEL RGLGAPGAKS RLWCRGGGLS LNRHPEVLLR 60  
CWVHPEWHGE QLWPVLLPRP VLGLSSGPS LQRPRMGWVW GTHGEWPEEL RVKRAPVCWL120  
QRPGAPLS 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

FPQDWPRKEH RPQLLPVPLR VDPASQEHLR VSVKRQASTP APEPALSSRC PQTPQLCARQ 60  
EAARHTPGRQ ARPVRGPMDB PSPASGKTGP FPTGHAPELW QIAGAIWGE FNKSPFENEK120  
KKKK 124

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217

40

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

5 VPHTHPILGL CKEGPELSFP RTGLGRSTGH SCSPCHSGWT QHLRSTSGCR LRDRPPPLHQ 60  
SLLAPGAPR PRSSVPGKKQ LDTRQGAHKG QSADPWTSPA PPQKQGLSL QDTPQSCGRL120  
QEPSCGENLI KALLMKKKK KK 142

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218

10

(A) LÄNGE: 379 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

RRGLEGFNGG WTEMPGILWM EPTQPPDFAL AYRPSFPEDR EPQIPYPEPT WPPPLSAPRV 60  
PYHSSVLSVT RPVVVSATHP TLPSAHQPPV IPATHPALSR DHQIPVIAAN YPDLPAYQP120  
GILSVSHSAQ PPAHQPPMIS TKYPELFPAH QSPMFPDTRV AGTQTTTHLP GIPPNHAPLV180  
30 TTLGAQRPPQ APDALVLRTO ATQLPIIPTA QPSLTTSRS PVSPAQISV PAATQPAALP240  
TLLPSQSPTN QTSPISPTHF HSKAPQIPRE DGSPKLALW LPSPAPTAAP TALGEAGLAE300  
HSQRDDRLL VALLVPTCVF LVVLLALGIV YCTRCGPHAP NKRTDCYRW VIHAGSKSPT360  
EPMPPRGLT GVQTCRTSV 379

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

5 VPHTHPILGL CKEGPESLFP RTGLGRSTGH SCSFCHSGWT QHLRSTSGCR LRDRPPPLHQ 60  
SLLAPGAPR PRSSVPGKKQ LDTRQGAHKG QSADPWTSPA PPQKQGLSL QDTPQSCGRL120  
QEPSCGENLI KALLMKKKK KK 142

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218

10

- (A) LÄNGE: 379 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

RRGLEGFNGG WTEMPGILWM EPTQPPDFAL AYRPSFPEDR EPQIPYPEPT WPPPLSAPRV 60  
PYHSSVLSVT RPVVVSATHP TLPSAHQPPV IPATHPALSR DHQIPVIAAN YPDLPAYQP120  
GILSVSHSAQ PPAHQPPMIS TKYPELFPAH QSPMFPDTRV AGTQTTTHLP GIPPNHAPLV180  
30 TTLGAQRPPQ APDALVLRTO ATQLPIIPTA QPSLTTSRS PVSPAQISV PAATQPAALP240  
TLLPSQSPTN QTSPISPETHP HSKAPQIPRE DGPSPKLALW LPSPAPTAAP TALGEAGLAE300  
HSQRDDRLL VALLVPTCVF LVLALLALGIV YCTRCGPHAP NKRITDCYRW VIHAGSKSPT360  
EPMPPRGLT GVQTCRTSV 379

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

VDTDECQIAG VCQQMCVNYV GGFECYCSEG HELEADGISC SPAGAMGAQG SQDLGDELDD 60  
DGEDEEDEDE AWKASTVAGR RCLGSCGWSL RSRLTLPWPI DRASQRTESH RYPTRSPPGH120  
PRSVPPGSPT TPQCSPSPGL WWSLPRI PHC LLPTSLL 157

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220

- (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

PPPPGPLCLL PIKSLCLLPP SPQSPPPSCP LRAPLTRPHP SALHIPIPKP PKSQGKMAPV 60  
PSWPCGCPHQ LPQQPQQPWG RLVLPSTARG MTGGCWWHSW CQRVSFWWSC LHWASCTAPA120  
VAPMHPTSAS LTAIAGSSML GARAQQNPCP PGAASQGCRP AEPACDGVQT PLMEYGALDT180  
WPLGHQGPMP AAQLDRWLP AQAQPGSSLN H 211

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221

30

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

LGEPQISGAQ PGRVWGQLCQ STSQAHPLPG MPWDHGQGR L WGSETPLLST PSQNTLRVSG 60  
LWREWGRKN WHLPREGDER FALILREASE KCFKVCVMRQ AVSGGLSSP LPPSFPK 117

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222

5 VDTDECQIAG VCQQMCVNYV GGFECYCSEG HELEADGISC SPAGAMGAQG SQDLGDELLD 60  
DGEDEEDEDE AWKASTVAGR RCLGSCGWSL RSRLTLPWPI DRASQRTESH RYPTRSPPGH120  
PRSVPPGSPT TPQCSPSPGL WWSLPRIPHC LLPTSLL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220

- 10 (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

25 PPPPGPLCLL PIKSLCLLPP SPQSPPPSCP LRAPLTRPHP SALHIPIPKP PKSQGKMAPV 60  
PSWPCGCPHQ LPQQPQQPWG RLVLPSTARG MTGGCWWHSW CQRVSFWWSC LHWASCTAPA120  
VAPMHPTSAS LTAIAGSSML GARAQQNPCP PGAASQGCRP AEPACDGVQT PLMEYGALDT180  
WPGLHQGPMG AAQLDRWLPA PQAQPGSSLN H 211

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221

- 30 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

LGEPOISGAQ PGRVWGQLCQ STSQAHPLPG MPWDHGQGRL WGSETPLLST PSQNTLRVSG 60  
LWREWGGRKN WHLPREGDER FALILREASE KCFKVCVMRQ AVGSGLSSP LPPSFPK 117

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

NKELSSLKSS DVMTHTESC ITVASRATHL FGLSDGHSFT TQQQTPHTGT RMSASTWEAV 60  
AEPGRWPGPD HGLSGAGHQG VRVPMLPQGV GMTGRSLVTR QWTSLGEGWR ERAGQAPAAH120  
RLAHANTLKA LLGGFSENQG EALVSFPRKV PILPPAPLSP EPRDPQGVLA GGAKQRCLRP180  
20 PEPSLPMIPR HARQGVGL 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

SHGMPGRGWA CEVDWHSCPH TLPGWAPFIW GSPSQHGVLG ACPGPFTRTE APHPLSHFSR60  
40 WKTQRRKRPW GGVPSCLQLA PWVPLCGGSP DSISASE 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224

- (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

NKELSSSLKSS DVVMTHTESC ITVASRATHL FGLSDGHSFT TQQQTPHTGT RMSASTWEAV 60  
AEPGRWPGPD HGLSGAGHQG VRVPMLPQGV GMTGRSLVTR QWTSLGEGWR ERAGQAPAAH120  
RLAHANTLKA LLGGFSENQG EALVSFPRKV PILPPAPLSP EPRDPQGVLA GGAKQRCLRP180  
20 - PEPSPMPMPER HARQGVGL 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 SHGMPGRGWA CEVDWHSCPH TLPGWAPFIW GSPSQHGVLG ACPGPFTRTE APHPLSHFSR60  
WKTQRRKRPW GGVPSCLQLA PWVPLCGGSP DSISSASE 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224

- (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

10 ATRRRAAEAG MAAVLQERVER LSNRVVRVLG CNPGPMTLQG TNYLVGTGP RRILIDTGEP 60  
AIPEYISCLK QALTEFNTAI QEIVVTHWHR DHSGGIGDIC KSINNDTTYC IKKLPRNPQR120  
EEIIGNGEQQ YVYLKDGSDVI KTEGATLRVL YTPGHTDDHM ALLLEENAI FSGDCILGEG180  
TTVFEDLYDY MNSLKELLKI KADIIYPGHG PVIHNAEAKI QQYISHRNIR EQQILTLFRE240  
15 NFEKSFTVME LVKIIYKNTF ENLHEMAKHN LLLHLKKLEK EGKIFSNTDP DKKWKAHL 298

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

35 GFSWGRSPLG RCWCLGGSDW PGYSPTHARL DWTAARRAAV QQPFPPQPPA GVSPIWIL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

10 ATRRRAAEAG MAAVLQVER LSNRVVRVLG CNPGPMTLQG TNYLVGTGP RRILIDTGEP 60  
AIPEYISCLK QALTEFNTAI QEIVVTHWHR DHSGGIGDIC KSINNDTTYC IKKLPRNPQR120  
EEIIGNGEQQ YVYLKGDVI KTEGATLRVL YTPGHTDDHM ALLLEENAI FSGDCILGEG180  
TTVFEDLYDY MNSLKELLKI KADIYPGHG PVIHNAEAKI QQYISHRNIR EQQILTFLFRE240  
15 NFEKSFTVME LVKIIYKNTF ENLHEMAKHN LLLHLKKLEK EGKIFSNTDP DKKWKAHL 298

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

35 GFSWGRSPLG RCWCLGGSWD PGYSPTHARL DWTAARRAAV QQPFPQPAPA GVSPIWIL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

SGSLSLNHIS IFQINILLLS ISYNFFSLRI PWEFFNAIGS VIIDAFTNIS YASRMISVPV60  
SHYNFLDCCV KFS 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

AFLLRPSVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSA QQQQAWQQAW SSARAPSRRCR ARPSSSERPC 60  
PAVGRLASLY CCCMVFA SPP RPGR TWVHCT GWPRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLLG120  
SWPLAASWRL WMPWSWAPR L 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

VPPPALGHRQ HAPASRLRES TQLPRPFTST AAAGMAASVE QREGTIQVQG QALFFREALP 60  
GSGQARFSVL LLHGIRFSSE TWQNLGTLHR LAQAGYRAVA IDLPGLGHSK EAAAPAPIGE120  
LAPGSFLAAV VDALELGPPV VISPSLSGMY SLPFLTAPGS QLPGFVPVAP ICTDKINAAN180  
YASVKTPALI VYGDQDPMGQ TSFEHLKQLP NHRVLIMKGA GHPCYLDKPE EWHTGLLDL240  
QGLQ 244

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

SGSLSLNHIS IFQINILLIS ISYNFFSLRI PWEFFNAIGS VIIDAFTNIS YASRMISVPV60  
SHYNFLDCCV KFS 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

AFLLRPSVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSPA QQQQAWQQAW SSARAPSRCR ARPSSSERPC 60  
PAVGRLASLY CCCMVFASPP RRGRTWVHCT GWPRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLLG120  
SWPLAASWRL WWMPWSWAPR L 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

VPPPALGHRQ HAPASRLRES TQLPRPFTST AAAGMAASVE QREGTIQVQG QALFFREALP 60  
GSGQARFSVL LLHGIRFSSE TWQNLGTLHR LAQAGYRAVA IDLPGLGHSK EAAAPAPIGE120  
LAPGSFLAAV VDALELGPPV VISPSLSGMY SLPFLTAPGS QLPGFVPVAP ICTDKINAAN180  
YASVKTPALI VYGDQDPMGQ TSFEHLKQLP NHRVLIMKGA GHPCYLDKPE EWHTGLLDFL240  
QGLQ 244

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60  
VLPGLGGEAN TMQQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120  
GELRGLAQTG SRRVLAVTEG RRRN 144

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60  
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPHSTTS ARAPPSLLPH PAIVRGATVG RRVPRRGLFL120  
LPVPEKAFPL LKFKH 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60  
VLPGLGGEAN TMQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120  
GELRGLAQTG SRRVLAVTEG RRRN 144

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60  
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPPHSTTS ARAPPSLLPH PAIVRGATVG RRVPRRGLFL120  
LPVPEKAFPL LKFKH 135

40

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

GGPVCWEPQV TPFSSYSVPG ASCPPLQILG KENVYVAGYC MVTSEGRPLG THLPTAAQAR60  
AQAHLLVLRP QIKPSPHMA SDRFLPSRKF CGCAVL 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

CCGEGTVNDG NVPSQPGSCL TWVSNPTLPS PWSTLQSRG PANAREVSTE KSLQNSHWKR60  
RNKGHGKKPQ GRDRPRSQTL GRE 83

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

GGPVCWEPQV TPFSSYSVPG ASCPPLQILG KENVYVAGYC MVTSEGRPLG THLPTAAQAR60  
AQAHLLVLRP QIKPSPHHMA SDRFLPSRKF CGCAVL 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

CCGEGTVNDG NVPSQPGSCL TWVSNPTLPS PWSTLQRSRG PANAREVSTE KSLQNSHWKR60  
RNKGHGKKPQ GRDRPRSQTL GRE 83

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASPASLAQAT SRQPAPSPRA RSHLATSTSW TSSARSDAGC GECRRDEPGAP PR

52

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

LGSAAQQRLRR PEASETLRLV GTHRPRQRAL PRQRVASPPP RRGGLTSPV VRLGQVVPGL60  
MPGVVSAAGT QVRRLEVFPA SLRLQHHLQL REGL 94

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

ARPSRSWRWC CSRSDAGTSS RRRTWVPAAL TTPGIRPGTT CPRRTGGEVR PSRRGGGLA60  
TRCLGKARWR GLCVPTSRRV SDASGRRS CC QAEPR 95

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASPASLAQAT SRQPAPSPRA RSHLATSTSW TSSARSDAGC GECRRDPGAP PR

52

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

LGSAAQQLRRL PEASETLRLV GTHRPRQRAL PRQRVASPPP RRGLGLTSPP VRLGQVVPGL60  
MPGVVSAAGT QVRRLEVPFA SLRLQHHLQL REGL 94

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

ARPSRSWRWC CSRSDAGTSS RRRTWVPAAL TTPGIRPGTT CPRRTGGEVR PSRRGGGLA60  
TRCLGKARWR GLCVPTSRRV SDASGRRSCC QAEPR 95

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

15 APTNTRSSSK FATSGSPGYP IASSGASPEV RQRRTTFFRF RPPGESLCGDM KLLTHNLLSS 60  
HVRGVGSRGF PLRLQATEVR ICPVEFNPNF VARMIPKVEW SAFLEAADNL RLIQVPKGPV120  
EGYEENEEFL RTMHLLLEV EVIEGTLQCP ESGRMFPISR GIPNMLLSEE ETES 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237

20 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

35 YRAQKHCVWC HWVKGWGYTR QNSETGYRST KIHSHNKNW RLAQSTLSFL FTQQHVGDPA 60  
ADGEHTSRFR ALQGALYHFH LQQQVVHGPO KLLILLISLN RPPRHLDQTO VIGRLQERRP120  
LHFRYHTRHE VGVEFHRADT DLGGLEAQGE ATGPHPPHMR AQQIVGKQFH VAAQTLARPE180  
40 PEKGRPPLPH FRGCSTRCYW IARRTGSGEL AGTSRVCSS FLYAN 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238

(A) LÄNGE: 209 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

15 APTNTRSSSK FATSGSPGYP IASSGASPEV RQRRTTFFRF RPPGESLCGDM KLLTHNLLSS 60  
HVRGVGSRGF PLRLQATEVR ICPVEFNPNF VARMIPKVEW SAFLEAADNL RLIQVPKGPV120  
EGYEENEEFL RTMHLLLEV EVIEGTLQCP ESGRMFPISR GIPNMLLSEE ETES 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237

20 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

35 YRAQKHCVWC HWVKGWGYTR QNSETGYRST KIHSHNKKNW RLAQSTLSFL FTQQHVGDPA 60  
ADGEHTSRFR ALQGALYHFH LQQQVVHGPO KLLILLISLN RPFRLDQTQ VIGRLQERRP120  
LHFRYHTRHE VGVEFHRADT DLGGLEAQGE ATGPHPPHMR AQQIVGKQFH VAAQTLARPE180  
40 PEKGRPPLPH FRGCSTRCYW IARRTGSGEL AGTSRVCGSS FLYAN 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238

45 (A) LÄNGE: 209 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

TFNEKKIYNT ELKNTVFGVI GSRVGDTHGR IRKQGIDQQK YTVITRKTGA WHNQLSVSSS 60  
LSSMLGIPRL MGNIRPDSGH CRVPSITSTS SSRWCMVLRN SSFSSYPSTG PFGTWIRRL120  
10 SAASRNADHS TLGIIRATKL GLNSTGQIRT SVAWRRRGKP RDPTPRTCEL SRLWVSSFMS180  
PHKLSGGRNR KKVVLRLCLTS GDAPLDAIG 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239

15 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

30 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPKRARSG RSRVLA 146

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240

40 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

TFNEKKIYNT ELKNTVFGVI GSRVGDTHGR IRKQGIDQQK YTVITRKTGA WHNQLSVSSS 60  
LSSMLGIPRL MGNIRPDSGH CRVPSITSTS SSRWCMVLRN SSFSSYPSTG PFGTWIRRL120  
10 SAASRNADHS TLGIIRATKL GLNSTGQIRT SVAWRRRGKP RDPTPRTCEL SRLWVSSFMS180  
PHKLSPGRNR KKVVLRLCLTS GDAPLDAIG 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239

15 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

30 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPKRARSG RSRVLA 146

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240

40 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

SRTFSFLSFL HCANILTLFV SFQEPHRIQ VKRSLNKCLQ PSQCKNKYQS SRRSSSRAAP 60  
KVPTATPNNY KSVQRECWRE CEWVCAGGHG GAVCKIGVAN HRTRAWSGYP PPTQRGRASP120  
HTLTAEFALG RVKK 134

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

PARTRDRPLL ARFGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60  
CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIVRRGRW120  
DFGRSAAATA SGLLIFIFAL RWLKAFI 147

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PVLCRGN SGS LSRKFPPKPQ KPADKDHPT CVYLENRSPG KSDLSATPGR SGLESGYQNL60  
LRQHQPGRGRC PTWPGSRWKV PRRFPGYG 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243

50

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

SRTFSFLSFL HCANILTLFV SFQEPHRHIQ VKRSLNKCLQ PSQCKNKYQS SRRSSSRAAP 60  
KVPTATPNNY KSVQRECWRE CEWVCAGGHG GAVCKIGVAN HRTRAWSGYP PPTQRGRASP120  
HTLTAEFALG RVKK 134

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

PARTDRPPLL ARFGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60  
CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIVRRGRW120  
DFGRSAAATA SGGLIFIFAL RWLKAFI 147

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

45

PVLCRGN SGS LSRKFPPKPQ KPADKDHPT CVYLENRSPG KSDLSATPGR SGLESGYQNL60  
LRQHQP HGRC PTWPGSRWKV PRRFPGYG 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243

50

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

15 QDGCPSGDF AALQSLLKAS SKDVVRQLCQ ESFSSSALGL KKLLDVTCS LSVTQEEAEE 60  
LLQALHRLTR LVAFRDLSSA EAILALFPEN FHQNLKNLLT KIILEHVSTW RTEAQANQIS120  
LPRLVDLDWR VDIKTSSDSI SRMAVAPPGL VPDGRFQGGG QAMG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

FAWASVLQVD TCSRMI FVSR FLRFWWKFSG KRARIASAED RSRNATSLVR RCRAWSSSSA60  
SSWVTDKLEH VTSKSFFKPR AELEKLS 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

15 QDGCPSGDF AALQSLLKAS SKDVVRQLCQ ESFSSSALGL KKLLDVTCS LSVTQEEAEE 60  
LLQALHRLTR LVAFRDLSSA EAILALFPEN FHQNLKNLLT KIILEHVSTW RTEAQANQIS120  
LPRLVDLDWR VDIKTSSDSI SRMAVAPPGL VPDGRFQGGG QAMG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

FAWASVLQVD TCSRMIFVSR FLRFWWKFSG KRARIASAED RSRNATSLVR RCRAWSSSSA60  
SSWVTDKLEH VTSKSFFKPR AELEKLS 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

5

DGPGGPTAHP HRCAPPGVC PGQAPAHLLL CAAAPGHPGQ GQPPAAGGLV GDADRAGDLE 60  
CSPRRIFLHP RLHPPRHLGS CHLDRGCGCA GWSCCLHLRE TGWYILGP AE DSASAGSFLH120  
SHRCPQTLE 129

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ASPSNSQPTS PASAPALPPP ARRSRGAQTV SLTMGTADSD EMAPEAPQHT HIDVHIHQES 60  
ALAKLLLTCC SALRPRATQA RGSSRLLVAS WVMQIVLGIL SAVLGGFFYI RDYTLLVTSG120  
AAIWTGAVAV LAGAAFIYE KRGGTYWALL RTLLALAAFS TAIAALKLWN EDFRYGYSYY180  
NSACRISSSS DWNTPAPTQS PEEVRLHLC TSFMDMLKAL FRTLQAMLLG VWILLLLASL240  
APLWLYCWRM FPTKGKRDQK EMLEVSGI 268

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247

35

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

5

DGPGGPTAHP HRCAPPGVC PGQAPAHLLL CAAAPGHPGQ GQQAAGGLV GDADRADGLE 60  
CSPRRIFLHP RLHPPRHLGS CHLDRCGCGA GWSCLHLRE TGWYILGP AE DSASAGSFLH120  
SHRCPQTLE 129

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

30

ASPSNSQPTS PASAPALPPP ARRSRGAQTV SLTMGTADSD EMAPEAPQHT HIDVHIHQES 60  
ALAKLLLTCC SALRPRATQA RGSSRLLVAS WVMQIVLGIL SAVLGGFFYI RDYTLLVTSG120  
AAIWTGAVAV LAGAAFIYE KRGGTYWALL RTLLALAAFS TAIAALKLWN EDFRYGYSYY180  
NSACRISSSS DWNTPTAPTQS PEEVRRHLHC TSFMDMLKAL FRTLQAMLLG VWILLLLASL240  
APLWLYCWRM FPTKGKRDQK EMLEVSGI 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247

35

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

DCTQDPQHDL HHPRGHQPPA AAPGLGGPGP QRRAGEQEL GQGRLLVDVH IDVGVLWGLR 60  
 GHLITVGCSH CQGHSLRSSG PASGRREGWG AGWRSGLRVG GGG 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248

5

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

GSRRRDGGGA GAAPVAPRAL GRRARAGRCS EDEGGGGAQR VWGEQPVLAS QSPPGQEGS60  
 FTRVWTRASL PTLGQVLQPG GVHVQV 86

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

ARGGAMAAGL ARLLLLLGLS AGGPAPAGAA KMKVVEEPNA FGVNNPFLPQ ASRLQAKRDP 60  
 SPVSGPVHLF RLSGKCFSLV ESTYKYEFCP FHNVTQHEQT FRWNAYSGIL GIWHEWEIAN120  
 NTFTGMWMRD GDDCRSRSRQ SKVELACASP SNCV 154

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250

50

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

DCTQDPQHDL HHPRGHQPPA AAPGLGGPGP QRRAGEQEL GQGRLLVDVH IDVGVWGLR 60  
GHLITVGCSH CQGHSLRSSG PASGRREGWG AGWRSGLRVG GGG 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248

5

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

GSRRRDGGGA GAAPVAPRAL GRRARAGRCS EDEGGGGAQR VWGEQPVLAS GQSPPQEGS60  
FTRVWTRASL PTLGQVLQPG GVHVQV 86

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

ARGGAMAAGL ARLLLLLGLS AGGPAPAGAA KMKVVEEPNA FGVNNPFLPQ ASRLQAKRDP 60  
SPVSGPVHLF RLSGKCFSLV ESTYKYEFCP FHNVTQHEQT FRWNAYSGIL GIWHEWEIAN120  
NTFTGMWMRD GDDCRSRSRQ SKVELACASP SNCV 154

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

15 PLDAVARART RQLHLALPAP GTAVVTVPHP HAREGVVGD L PLVPDAEDPT VGVPAEGLLV60  
LGHVVERAEL ILVRGLHQAE ALARESEEMH GSRHG 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

35 KVTDGHT RTP RSGVPRQHEA GSPGLTASHA MSIHLA GSLT AMDSICASER SQGVWRAPTP 60  
GCQGLSPGPR PGELPGGSSP EERLGRLAVA GPERGAQNV S QAGPEAEAPP LRFGHAWGAQ120  
TPRLGAPGPW TPLPTLP SHI PPFWSQTPAQ RKEGFTEEGQ GRAWPQGGDE DISGPGSCRL180  
40 LWEEPCVCK LLGLAARPTA GPSLDPCTWP SSCPLAAPGL GTGIEPRGLG WLQQRDREG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252

(A) LÄNGE: 216 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

15 PLDAVARART RQLHLALPAP GTAVVTVPH HAREGVVVDL PLVPDAEDPT VGVPAEGLLV60  
LGHVVERAEL ILVRGLHQAE ALARESEEMH GSRHG 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

35 KVTDGHTTRTP RSGVPRQHEA GSPGLTASHA MSIHLAAGSLT AMDSICASER SQGVWRAPTP 60  
GCQGLSPGPR PGELPGGSSP EERLGRlava GPPRGAQNVs QAGPEAEAPP LRFGHAWGAQ120  
TPRLGAPGPW TPLPTLPShI PPFWSQTPAQ RKEGFTEEGQ GRAWPQGGDE DISGPGSCRL180  
40 LWEEEPcVCK LLGLAARPTA GPSLDPCTWP SSCPLAAPGL GTGIEPRGLG WLQQRDREG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252

(A) LÄNGE: 216 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

10 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRQKARA EPGPREGMRT 60  
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWREAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120  
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180  
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253

15

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

VLRLLYIYIL YITNMKWFST QPLWLNTKQR SHRRGPGPPP APLSGVLGSR GLPHHPSQGW 60  
GRAGPRAGAN VAWNSNCIVR WVGQWARGC SQPGFTTNL AMTCGGPWGS GCLLGSTLSE120  
VSPWAPPSCP QGHPVLPTL WAWGLQDPLC RVRVGAGHGS RHQPDAPVGV ARSWDGVVRN180  
35 TAPKTQNKNT TNGRRSPPT EVGFEPLLI FVSFLQPW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 254

40 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

10 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRQKARA EPGPREGMRT 60  
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120  
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180  
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253

15

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

VLRRLYIYIL YITNMKWFST QPLWLNTKOR SHRRGPGPPP APLSGVLGSR GLPHHPSQGW 60  
GRAGPRAGAN VAWNSNCIVR WVGQWARGC SQPGFTTNL AMTCGGPWGS GCLLGSTLSE120  
VSPWAPPSCP QGHPVLPTRL WAWGLQDPLC RVRVGAGHGS RHQPDAPVGV ARSWDGVVRN180  
35 TAPKTQNKNT TNGRRSPPT EVGFEPLLI FVSFLQPW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 254

40 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RDGGGAGAAP VAPRALGRRR RAGRCSEDEG GGGAQRVWVS SLAGWRLERG TARARSPLTL60  
PLPVGGTTRS CLRPVASRP . 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 255

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

LGLEATGLRQ ERVVPPTGSG KVSGERARAV PRSSRQPARL LTQTRWAPPP PSSSLHLPAR60  
ARRPRARGAT GAAPAPPPS 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 256

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

WPGGDWPEAR TGCSTYCKRQ GQRGTGPGRP PLEPPAREAA HPNALGSSTT FIFAAPAGAG60  
PPAESPRSNR SRASPAIA 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 257

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RDGGGAGAAP VAPRALGRRR RAGRCSEDEG GGGAQRVWVS SLAGWRLEGR TARARSPLTL60  
PLPVGGTTRS CLRPVASRP 79

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 255

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

LGLEATGLRQ ERVVPPTGSG KVSGERARAV PRSSRQPARL LTQTRWAPPP PSSSLHLPAR60  
ARRPRARGAT GAAPAPPPS 79

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 256

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

WPGGDWPEAR TGCSTYGKRQ GQRGTGPGRP PLEPPAREAA HPNALGSSTT FIFAAPAGAG60  
PPAESPRSNR SRASPAIA 79

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 257

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

15 GHGGPTGSV CSRILLASSP FYMNCCINKH RVPETTEVII LPTECWPGQA W 51

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 258

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

35 GGGFLGQIDK SKDNISLTV IQLHSYTVAL FGLSHEEVLV TNYVFGCF 49

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 259

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

15 GHLGGPTGSV CSRILLASSP FYMNCCINKH RVPETTEVII LPTECWPGQA W 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 258

20 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

35 GGGFLGQIDK SKDNISLVTV IQLHSYTVAL FGLSHEEVLV TNYVFVGCF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 259

40 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

5 AFRNTTNKV SDMLANQARL RSLRRPNWLC LLKDSSGLVS ILHELLHK

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 260

- 10 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

25 PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60  
KKRSNTENLS QHFRKGTTLV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120  
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKMM ENCLGESRH 179

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 261

- 30 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

45 QATLLLEPKL TKKNKSTPDL DSGHLLKPSF RVDIPTSRTV RILKTTQQKV KKWKIV

56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 262

- 50 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

AFTRNTTNKV SDMLANQARL RSLRRPNWLC LLKDSSGLVS ILHELLHK

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 260

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60  
KKRSNTENLS QHFRKGTTLV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120  
AASAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRH 179

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 261

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

QATLLLEPKL TKKNKSTPDL DSGHLLKPSF RVDIPTSRTV RILKTTQQKV KKWKIV

56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 262

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

15 DSAPSPGFSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60  
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSILSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 263

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

35 VMSPADKAA RADSARAARG KRKKNVEENM AYSALMEVAG YCLIERMLWN PMLKIKSVWL60  
CSYAVMVIPR QLAKV 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 264

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:



(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

15 DSAPSPGFSSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLEFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60  
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSILSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 263

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

35 VMSDPADKAA RADSARAARG KRKKNVEENM AYSALMEVAG YCLIERMLWN PMLKIKSVWL60  
CSYAVMVIPR QLAKV 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 264

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

5

AMFSSTFFFL LPRAARAESA RAALSAGSLI TYAFYKRLPK KKLLTRNVDK PLKANKQQTIV60  
VFAFSYSWQA EVRA 74

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 265

10

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

DSKAFSLLSS NQPLPSKLSR PCFPPHFFFF YLEPLEPNRL EPPCLLDHSS PTHFIKGYPK60  
RNC 63

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 266

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

RRGSGSRSSM APVLASMLWM STRGTAMTST SLCTSRARSR PMPSSSSPTP TAWRCCCATR60  
TRVSTSTRTG ASLRMWCCSG GRCLLLWPTS APTR 94

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 267

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

5

AMFSSTFFFL LPRAARAESA RAALSAGSLI TYAFYKRLPK KLLTRNVDK PLKANKQQT60  
VFAFSYSWQA EVRA 74

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 265

10

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

DSKAFSLLSS NQPLPSKLSR PCFPPHFFF YLEPLEPNRL EPPCLLDHSS PTHFIKGYPK60  
RNC 63

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 266

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

RRGSGSRSSM APVLASMLWM STRGTAMTST SLCTSRARSR PMPSSSSPTP TAWRCCCATR60  
TRVSTSTRTG ASLRMWCCSG GRCLLLWPTS APTR 94

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 267

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

GDRKPLYHYG RGMNPADKPA WAREVKERTR MNKQONSPLA KSKPGSTGPE PPSPQASPGP 60  
PGLPWAPKPY HKFMAFKSFA DLPHRPLLVD LTVEEGQRLK VIYGSSAGFH AVDVDSGNSY120  
DIYIPVHIQS QITPHAIIFL PNTDGMEMLL CYEDEGVYVN TYGRIIKDVV LQWGEMPTSV180  
AYICSNQIMG WGEKAIEIRS VETGHLDGVF MHKRAQRLKF LCERNQKVFV ASVRSQGSSQ240  
VYFMTLNRNC IMNW 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 268

- (A) LÄNGE: 231 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

GKKHLVIPLT QELEPLSSFV HEDPVEVARL HRADLNGFLT PAHYLVGADV GHRSRHLPPL 60  
QHHILNDAPV RVDVDTLVLV AQQHLHAVGV GEEDDGMGRD LALDVHRDVD VIAVPRVDIH120  
SMEASTGAID DLEPLPLLYC QVDQQRAGE VGKGLEGEF VVGFGGPGEA WGPWGGLGAG180  
GLRPRAAWLA LGQGRVLLLV HPCSLFYLSG PGWVSVGIHA PTIMVQGLPV P 231

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 269

- (A) LÄNGE: 454 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(A) LÄNGE: 254 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

20 GDRKPLYHYG RGMNPADKPA WAREVKERTR MNKQQNSPLA KSKPGSTGPE PPSPQASPGP 60  
PGLPWAPKPY HKFMAFKSEA DLPHRPLLVD LTVVEEQRLK VIYGSSAGFH AVDVDSGNSY120  
DIYIPVHIQS QITPHAIIFL PNTDGMEMLL CYEDEGVYVN TYGRIIKDVV LQWGEMPTSV180  
AYICSNQIMG WGEKAIEIRS VETGHLDGVF MHKRAQRLKF LCERNOKVFF ASVRS GGSSQ240  
VYFMTLNRNC IMNW 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 268

25

(A) LÄNGE: 231 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

45 GKKHLVIPLT QELEPLSSFV HEDPVEVARL HRADLNGFLT PAHYLVGADV GHRSRHLPPL 60  
QHHILNDAPV RVDVDTLVLV AQQHLHAVGV GEEDDGMGRD LALDVHRDVD VIAVPRVDIH120  
SMEASTGAID DLEPLPLLYC QVDQQRAVGE VGKGLEGHEF VVGFGGPGEA WGPWGGLGAG180  
GLRPRAAWLA LGQGRVLLLV HPCSLFYLSG PGWVFSGIHA PTIMVQGLPV P 231

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 269

50

(A) LÄNGE: 454 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

15 GAGCTSPGLW ARKAAARCLP TYPSRAQPSN VGRRRRRRPG LGALAAGVPA MAESVERLQQ 60  
 RVQELERELA QERSLQVPRS GDGGGGRVRI EKMSSEVVDS NPYSRLMALK RMGIVSDYEK120  
 IRTFAVAIVG VGGVGSVTAE MLTRCGIGKL LLFDYDKVEL ANMNRLFFQP HQAGLSKVQA180  
 AEHTLRNINP DVLFEVHNYN ITTVENFQHF MDRISNGGLE EGKPVDLVLS CVDNFEARMT240  
 INTACNELGQ TWMESESVSEN AVSGHIQLII PGESACFACA PPLVVAANID EKTLKREGVC300  
 AASLPTTMGV VAGILVQNVL KFLNFGTVS FYLGYNAMQD FFPTMSMKPN PQCDNRNCRK360  
 20 QQEYKKKVA ALPKQEVQEE EEEIIHEDNE WGIELVSEVS EEELKNFSGP VPDLPPEGITV420  
 AYTIPKKQED SVTELTVEDS GESLEDLMAK MKNM 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 270

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

40 KLTVPKFNRRN FNTFCTKIPA TTPIVVGRLA AQTPSRFRVF SSIFAATTSG GAHAKQADSP 60  
 GIISCICPET AFSLTPDSIH VCPSSLQAVF IVIRASKLST QLRTRSTGFP SSNPPLLILS120  
 MKC 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 271

45

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

GAGCTSPGLW ARKAAARCLP TYPSTRAQPSN VGRRRRRRPG LGALAAGVPA MAESVERLQQ 60  
 RVQELERELA QERSLQVPRS GDGGGGRVRI EKMSSEVVDS NPYSRLMALK RMGIVSDYEK120  
 15 IRTFAVAIVG VGGVGSVTAE MLTRCGIGKL LLFDYDKVEL ANMNRLFFQP HQAGLSKVQA180  
 AEHTLRNINP DVLFEVHNYN ITTVENFQHF MDRISNGGLE EGKPVDLVLS CVDNFEARMT240  
 INTACNELGQ TWMESESVSEN AVSGHIQLII PGESACFACA PPLVVAANID EKTLKREGVC300  
 AASLPTTMGV VAGILVQNVL KFLLNFGTVS FYLGYNAMQD FFPTMSMKPN PQCDNRNCRK360  
 QQEYKKKVA ALPKQEVQEE EEEIHHEDNE WGIELVSEVS EEELKNFSGP VPDLPPEGITV420  
 20 AYTIPKKQED SVTELTVEDS GESLEDLMAK MKNM 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 270

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

40 KLTVPKFNRRN FNTFCTKIPA TTPIVVGRLA AQTPSRFRVF SSIFAATTSG GAHAKQADSP 60  
 GIISCICPET AFSLTPDSIH VCPSSLQAVF IVIRASKLST QLRTRSTGFP SSNPPLLILS120  
 MKC 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 271

45

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

10 CSSEYVLLLE LYLILLDEVG RKYVSYWLVP PCHNQRVATY QCHILSAFQQ SHYLLHQHLL 60  
LLRQRYGFSH SRLQFPFVSM PSSGCRDSNP PPLSSSSRCG PGRPLRRRSS GPADSSPGQV120  
PAPAPGPAAA GAPQTPPWLG LRPPTLPARA FAAAFAPRCS AGPARGTWGG TSPLPS 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 272

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

EARQAWTGAK GAGSLTFSSL QSGHLASGSQ SPESTKAPGT PPTPSYPGTP SRQLLWQWVQ 60  
PRPALPASSP CSRHQLYLPR QAMSWLLSPA PSVPLDFSGA SPVWATLCFP HPRLPHR 117

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 273

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

10 CSSEYVLLLE LYLILLDEVG RKVYSYWLVP PCHNQRVATY QCHILSAFQQ SHYLLHQHLL 60  
LLRQRYGFHS SRLQFPFVSM PSSGCRDSNP PPLSSSSRCG PGRPLRRRSS GPADSSPGQV120  
PAPAPGPAAA GAPQTPPWLG LRPPTLPARA FAAAFAPRCS AGPARGTWGG TSPLPS 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 272

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

EARQAWTGAK GAGSLTFSSL QSGHLASGSQ SPESTKAPGT PPTPSYPGTP SRQLLWQWVQ 60  
PRPALPASSP CSRHQLYLPR QAMSWLLSPA PSVPLDFSGA SPVWATLCFP HPRLPHR 117

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 273

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

APALPPPAGN VLASQPSTIC SPRLLRGQPS LGHPLFPSSS APTQVTDPAD SFSLGKVGCC60  
LTSPSSPPPI HTHRHPPTPG RLVSHM 86

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 274

- (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

EARTLPAGGG RAGAYCRERR LAVLAWAGPT AITVAYLGSL GRMEWVGCQG LWCFLVIGTL 60  
MPSAHFAKKK KLMTLLPWLL SMLAWPPRVG GTSPLLAEAG EQVLSYDPIH QAGVLSPSGH120  
25 HSSQHQGPGV LGQGSEKGWQ EVPRSSQPGR GTNALNTSKL RDPKVSTPGS GLPPHRH 177

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 275

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

QFPGPSVPEQ STSVSVTTSC LFPSLHLLQF IYMLLLLVHF CLPYQAVNEG RNLVCFIHHH60  
45 VPSAWHIVGL H 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 276

50

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

APALPPPAGN VLASQPSTIC SPRLLRGQPS LGHPLFPSSS APTQVTDPAD SFSLGKVGCC60  
LTSPSSPPPI HTHRHPPTPG RLVSHM 86

5

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 274**

(A) LÄNGE: 177 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

EARTLPAGGG RAGAYCRERR LAVLAWAGPT AITVAYLGSL GRMEWVGCQG LWCFLVIGTL 60  
MPSAHFAKKK KLMTLLPWLL SMLAWPPRVG GTSPLLAEG EQVLSYDPIH QAGVLSPSGH120  
25 HSSQHQGPGV LGQGSEKGWQ EVPRSSQPGR GTNALNTSKL RDPKVSTPGS GLPPHRH 177

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 275**

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

45 QFPGPSVPEQ STSVSVTTSC LFPSLHLLQF IYMLLLLVHF CLPYQAVNEG RNLVCFIHHH60  
VPSAWHIVGL H 71

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 276**

50

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

FFFFFFFF FFFCLINMSI YLAPDGNTKS WQWEWKGSLS QILPYYVDPK AGLGSKAHKP 60  
PKQIFIEHLD YYRPSILLGT MGDVKEVISH MICLQAKNA SG 102

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 277

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

GVIESRRVLS RGVIRFIFKQ PNPGRGCPIL SALKKIPFPY LPASIMSVEE SNCGSFEGDG60  
PFFPV 65

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 278

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

15

FFFFFFFFF FFFCLINMSI YLAPDGNTKS WQWEWKGSLS QILPYYVDPK AGLGSKAHKP 60  
PKQIFIEHLD YYRPSILLGT MGDVKEVISH MICLQAKNA SG 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 277

20

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

GVIESRRVLS RGVIRFIFKQ PNPGRCGPIL SALKKIPFPY LPASIMSVEE SNCGSFEGDG60  
PFFPV 65

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 278

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

FFFFFFFF FFLFNKYEHL FGTRWQYKIL AVGVERFSLS NTSILCRPKG RTWQQGSQTT60  
QTNIIY 65

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 279

(A) LÄNGE: 489 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LADSFPGSSP YEGYNYGSFE NVSGSTDGLV DSAGTGDLSG GYQGRSFEPV GTRPRVDSMS 60  
SVEEDDYDTL TDIDSDKNVI RTKQYLYVAD LARKDKRVLR KKYQIYFVNI ATIAVFYALP120  
30 VVQLVITYQT VVNVTGNQDI CYYNFLCAHP LGNLSAFNNI LSNLGYILLG LLFLLIILQR180  
EINHNRALLR NDLCALECGI PKHFGLFYAM GTALMMEGLL SACDHVCPNY TNFQFDTFSFM240  
YMIAGLCMLK LYQKRHPDIN ASAYSAYACL AIVIFFSVLG VVFGKGNTAF WIVFSIIHII300  
ATLLLSTQLY YMGRWKLD SG IFERRILHVLY TDCIRQCSGP LYVDRMVLLV MGNVINWSLA360  
AYGLIMRPND FASYLLAIGI CNLLLYFAFY IIMKLRSGER IKLIPLLCIV CTSVWVG FAL420  
35 FFFFQGLSTW QKTPAESREH NRDCILLDFD DDHDIWHFSL SIAMFGSFLV LLTLDDDLDT480  
VQRDKIYVF 489

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 280

40 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

FFFFFFFFFF FFLFNKYEHL FGTRWQYKIL AVGVVERFSL S NTSILCRPKG RTWQQGSQTT60  
QTNIIY 65

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 279

(A) LÄNGE: 489 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LADSPFGSSP YEGYNYGSFE NVSGSTDGLV DSAGTGDLSG GYQGRSFEPV GTRPRVDSMS 60  
SVEEDDYDTL TDIDSDKNVI RTKQYLYVAD LARKDKRVLR KKYQIYFWNI ATIAVFYALP120  
30 VVQLVITYQT VVNVTGNQDI CYYNFLCAHP LGNLSAFNNI LSNLGYILLG LLFLLIILQR180  
EINHNRALLR NDLCALECGI PKHFGLFYAM GTALMMEGLL SACDHVCPNY TNFQFDTFSFM240  
YMIAGLCMLK LYQKRHPDIN ASAYSAYACL AIVIFFSVLG VVFGKGNTAF WIVFSIIHII300  
ATLLLSTQLY YMGRWKLD SG IFRRLHVLV TDCIRQCSGP LYVDRMVLLV MGNVINWSLA360  
AYGLIMRPND FASYLLAIGI CNLLLYFAFY IIMKLRSGER IKLIPLLCIV CTSVVWGFAL420  
35 FFFFQGLSTW QKTPAESREH NRDCILLDF DDHDIWHFLS SIAMFGSFLV LLTLDDDLDT480  
VQRDKIYVF 489

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 280

40 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

5 APLCHRPVTL SCCGDESQHR CPALDGSRTA RSSLGLAWDS HGVAWNLAAL LCRGAGLLPW 60  
DPQMLAKLLL SSQCWGLPWA PVLWLSICPF ARGRMEGTPS PFHALHFARP PPHNAPAWDL120  
RPLFFPILPL QGLVWGLNLC PVSGPQFSLG CPWLPSLPIP VSQDGWGYEI LGVGQLVPDF180  
WC 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 281

10

- (A) LÄNGE: 536 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

ARPGCPAAIQ CWAAVLGLIP TARQSDRSMT QRSSGPLEVK RRAQLLEDI DLVPLHSIQV 60  
VIQCQHQEG PEHGDGGEEV PDVVVVKEVE EDAVPVVLPR LCRGFLPGAEE SLEEEEREAA120  
PDHGGANDAE QGDELDPLPT PELHDDVEGE VKEQVADANG QQVGSEIIGA HDKPIGSQRP180  
30 VDDVAHDQQH HAVHVERPAA LPDAVCVEHV EDAAEDPRVQ FPPAHVIELR AEEQGGDDVN240  
DGEDDPERRV PFAKDHAQHR EEDDNGQAGV GTVGAGVDVR VPLLVELQHA ESGDHVHERC300  
VKLEIGIVGA HMIASTEQPL HHQCAHGVE KPKVFGDPTF QGTEVIAQQG PVVVDLPLQD360  
DEQEKQFQD VPQVAEDVVE GAEIAQWVGA EEVVVADVLI PCDIHHRLVG DHQLHHRKGI420  
EDSNGGNVPE VDLVLFQNT LVLPCQVSHI EVLLGANDIL VGIDVGQCVV VILLHRAHGV480  
35 HSGPSTYRFK GAALVTVREV PSASAVNQTI GRSRNILKGA IVVTILRGTA RKRISQ 536

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 282

40

- (A) LÄNGE: 551 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

5 APLCHRPVTL SCCGDESQHR CPALDGSRTA RSSLGLAWDS HGVAWNLAAA LCRGAGLLPW 60  
DPQMLAKLLL SSQCWGLPWA PVLWLSICPF ARGRMEGTPS PFHALHFARP PPHNAPAWDL120  
RPLFPPIPLPL QGLVWGLNLC PVSGPQFSLG CPWLPSLPIP VSQDGWGYEI LGVGQLVPDF180  
WC 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 281

10

- (A) LÄNGE: 536 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

ARPGCPAAIQ CWA AVLGLIP TARQSDRSMT QRSSGPLEVK RRAQLLLEDI DLVPLHSIQV 60  
VIQCQQHQEG PEHGDGGEEV PDVVVVKEVE EDAVPVVLPR LCRGFLPGAE SLEEEEEEREA120  
PDHGGANDAE QGDELDPLPT PELHDDVEGE VKEQVADANG QQVGSEIIGA HDKPIGSQRP180  
30 VDDVAHDQQH HAVHVERPAA LPDAVCVEHV EDAAEDPRVQ FPPAHVIELR AEEQGGDDVN240  
DGEDDPERRV PFAKDHAQHR EEDDNGQAGV GTVGAGVDVR VPLLVELQHA ESGDHVHERC300  
VKLEIGIVGA HMIASTEQPL HHQCAHGVE KPKVFGDPTF QGTEVIAQQG PVVVDLPLQD360  
DEQEKQPQQD VPQVAEDVVE GAEIAQWVGA EEVVVADVLI PCDIHHRLVG DHQLHHRKGI420  
EDSNGGNVPE VDLVLFQNT LVLPCQVSHI EVLLGANDIL VGIDVGQCVV VILLHRAHGV480  
35 HSGPSTYRFK GAALVTREV PSASAVNQTI GRSRNILKGA IVVTLIRGTA RKRISQ 536

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 282

40

- (A) LÄNGE: 551 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

5 PLSSPSCCRY RRCRRRLRPP LRSVVQPGPR TMSLSRSEEM HRLTENYKVT IMEQFNPSLR 60  
NFIAMGKNYE KALAGVTYAA KGYFDALVKM GELASESQGS KELGDVLFQM AEVHRQIQNQ120  
LEEMLKSFHN ELLTQLEQKV ELDSRYLSAA LKKYQTEQRS KGDALDKCQA ELKKLRKKSQ180  
GSKNPQKYSD KELQYIDAIK NKQGELENYV SDGYKTALTE ERRRFCFLVE KQCAVAKNSA240  
AYHSGKCELL AQKLPLWQQA CADPSKIPER AVQLMQQVAS NGATLPSALS ASKSNLVISD300  
PIPGAKPLPV PPELAPFVGR MSAQESTPIM NGVTGPDGED YSPWADRKAQ QPKSLSPQSQ360  
QSKLSDSYSN TLPVRKSVTP KNSYATTENK TLPRSSSMAA GLERNGRMRV KAIFSHAAGD420  
10 NSTLLSFKEG DLITLLVPEA RDGWHYGESE KTKMRGWFPF SYTRVLDSGD SDRLHMSLQQ480  
GKSSSTGNLL DKDDLAIPPP DYGAASRAFP AQTASGFKQR PYSVAVPAFS QGLDDYGARS540  
MSSADVEVAR F 551

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 283

- 15 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

AGEAAGQPGS PPSHQAKCP PLTQGYPR LH GHVTRGVYPQ EAAPQPWAAQ PLGLALQGPA 60  
PHSARPCLEQ LGSSPGQTQV GQDQAAGAWM FSTQERTDDD RTGYMGRAGE ATRWAALQMW120  
PSAEEGGRPV VGHCRQLQDV GKGILTIVRR LRIWPLPHRR CSWTALHSHQ GPGRRRRAPH180  
35 CRASA 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 284

- 40 (A) LÄNGE: 518 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

5 PLSSPSCCRY RRCRRRLRPP LRSVVQPGPR TMSLSRSEEM HRLTENVYKT IMEQFNPSLR 60  
NFIAMGKNYE KALAGVTYAA KGYFDALVKM GELASESQGS KELGDVLFQM AEVHRQIQNQ120  
LEEMLKS FHN ELLTQLEQKV ELDSRYLSAA LKKYQTEQRS KGDALDKCQA ELKKLRKKSQ180  
GSKNPQKYSD KELQYIDAI S NKQGELENYV SDGYKTALTE ERRRFCFLVE KQCAVAKNSA240  
AYHSKGKELL AQKLPLWQQA CADPSKIPER AVQLMQQVAS NGATLPSALS ASKSNLVISD300  
PIPGAKPLPV PPELAPFVGR MSAQESTPIM NGVTGPDGED YSPWADRKAA QPKSLSPQS360  
QSKLSDSYSN TLPVRKSVTP KNSYATTENK TLPRSSSMAA GLERNGRMRV KAIFSHAAGD420  
10 NSTLLSFKEG DLITLLVPEA RDGWHYGESE KTKMRGWFPF SYTRVLDS DG SDR LHMSLQQ480  
GKSSSTGNLL DKDDLAI PPP DYGAASRAFP AQTASGFKQR PYSVAVPAFS QGLDDYGARS540  
MSSADVEVAR F 551

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 283

- 15 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

AGEAAGQPGS PPSHQLAKCP PLTQGYPR LH GHVTRGVYPQ EAAPQPWAAQ PLGLALQGPA 60  
PHSARPCLEQ LGSSPGQTQV GQDQAAGAWM FSTQERTDDD RTGYMGRAGE ATRWAALQMW120  
PSAEEGGRPV VGHCRQLQDV GKGILTLVRR LRIWPLPHRR CSWTALHSHP GPGRRRARPH180  
35 CRASA 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 284

- 40 (A) LÄNGE: 518 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

5 SGGSESGHFH IGAAHGPRSI VIQALGEGGH GHTVGPILLEA AGRLGGE GPG GGAVIGGWDG 60  
QVVLVQEVAR AAALPLLQAH VQPVTIAIVQ DPGVGEKPA PHLGLTSLV VPAIAGLRHQ120  
QGNVTLLEA QEGAVVPSSV GEDGLHPHTA IALQAGCHGA RARQSLVLGG GIAVFWGHAL180  
AHGECVGVGV AELALRLRRR QGFGLGSLAV SPRAVVLAIR ACDVHDGCA LLGRHPPHER240  
CQLGGHRQGL GPRNGVGNDQ VGLGGRQAG EGGAVAGHLL HELHRALRDL AGVGTGLLPQ300  
RQLLRQQLLA LGVVGRGVLG HGALLHQEA EAPALLCQCG LVAVGHVILQ LALLVADGVD360  
VLQLLVRVLL RILAALALLP KLLQLSLTLV QGVAFAPLLS LVFLQRSTQI PGVQLHLLQ420  
10 LRKQLVVKRL QHFFQLIDL PVDFSHLEEN VSEFFGALAL AGQLPHLHQG VKVAFGCIRH480  
TCQCLLVILP HGDEVPEARV ELLHDGLIDI FREPVHLL 518

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 285

- 15 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

30 VREAARREQR YQEQQGEASP ORTWEQQQEV VSRNRNEQES AVHPREIFKQ KERAMSTTSI 60  
SSPQPGKLRS PFLQKQLTQP ETHFGREPAA AISRPRADLP AEEPAPSTPP CLVQAE EAV120  
YEEPPEQETF YEQPPLVQQQ GAGSEHIDHH IQQGGLSGQG LCARALYDYQ AADDTEISFD180  
35 PENLITGIEV IDEGWWRGYG PDGHFGMFPA NYVELIE 217

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 286

- 40 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

SGGSESGHFH IGAAHGPRSI VIQALGEGGH GHTVGPLEA AGRLGEGPG GGAVIGWDG 60  
 QVVLVQEVAR AAALPLLQAH VQPVTIAVQ DPGVGEGKPA PHLGLLTLSV VPAIAGLRHQ120  
 5 QGNEVTLLA QEGAVVPSSV GEDGLHPHTA IALQAGCHGA RARQSLVLGG GIAVFWGHAL180  
 AHGECVGVGV AELALRLRRR QGFGLGSLAV SPRAVVLAIR ACDVHDGCA LLGRHPPHER240  
 CQLGGHRQGL GPRNGVGNDQ VGLGGRQAG EGGAVAGHLL HELHRALRDL AGVGTGLLPQ300  
 RQLLRQQLLA LGVVGRGVLG HGALLLHQA EAPALLCQCG LVAVGHVILQ LALLVADGVD360  
 VLQLLVVRVLL RILAAALALLP KLLQLSLTLV QGVAFAPLLS LVFLQRSTQI PGVQLHLLQ420  
 10 LRKQLVVKRL QHFFQLILD L PVD FSHLEEN VSEFFGALAL AGQLPHLHQG VKVAFGCIRH480  
 TCQCLLVILP HGDEVPEARV ELLHDGLIDI FREPVHLL 518

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 285

15 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

30 VREAARREQR YQEQQGEASP QRTWEQQQEV VSRNRNEQES AVHPREIFKQ KERAMSTTSI 60  
 SSPQPGKLRS PFLQKQLTQP ETHFGREPAA AISRPRADLP AEEPAPSTPP CLVQAEAAV120  
 YEEPPEQETF YEQPPLVQQQ GAGSEHIDHH IQQGLSGQG LCAALYDYQ AADDTEISFD180  
 35 PENLITGIEV IDEGWWRGYG PDGHFGMFPA NYVELIE 217

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 286

40 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

AGASGRLWLP SAFICLFSFS LASKGWWPPL FRMTLGNSER RELFLAEFVT KVRVDHGGLA 60  
 AGNLSWCWLL CAPHSISLSL CLGYGKWGCR WPSSHPGYSK TADTTCSSSTR LTRCLQAPVC120  
 ASTDSDFRKS NTEWPWPVVF PYFLSQLIRV SEEQICFWTK KK 162

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 287

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LLACRGWPGR RWHEELNSGK VMYAFCRVKD PNSGLPKFVL INWTGEGVND VRKGACASHV 60  
 STMASFLKGA HVTINARAE DVEPECIMEK VAKASGANYS FHKESGRFQD VGPQAPVGSV120  
 25 YQKTNAVSEI KRVGKDSFWA KAEKEEENRR LEEKRRAEEA QRQWSRSAGS VSA 173

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 288

(A) LÄNGE: 597 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45 EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEG L TDFSDFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60  
 RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120  
 KVIEDRDHYI PNTLNPVFG R MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180  
 FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIRYGGRD240  
 YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGKLQMWV300  
 50 DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYYLRVII WNTKOVILDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360  
 EENKQKTDVH YRSLDGEGNF NWRVFVFPDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420  
 IQIWDNDKFS LDDYLGFELE DLRHTIIPAK SPEKCRLD MI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480  
 SMKGWPCYA EKDGARVMAG KVEMTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540

AGASGRLWLP SAFICLFSFS LASKGWWPPL FRMTLGNSER RELFLAEFVT KVRVDHGGLA 60  
 AGNLSWCSLL CAPHSISLSL CLGYGKWGCR WPSSHPGYSK TADTTCSSTR LTRCLQAPVC120  
 ASTDSDFRKS NTEWPWPVVF PYFLSQLIRV SEEQICFWTK KK 162

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 287

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LLACRGWPGR RWHEELNSGK VMYAFCRVKD PNSGLPKFVL INWTGEGVND VRKGACASHV 60  
 STMASFLKGA HVTINARAE DVEPECIMEK VAKASGANYS FHKESGRFQD VGPQAPVGSV120  
 25 YQKTNAVSEI KRVGKDSFWA KAEKEEENRR LEEKRAEEA QRQWSRSAGS VSA 173

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 288

(A) LÄNGE: 597 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45 ECKGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGL TDFSDFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60  
 RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120  
 KVIEDRDHYI PNTLNPVFGF MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180  
 FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILED GSRIRYGGRD240  
 YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGLQMWV300  
 50 DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYLRVII WNTKDVIIDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360  
 EENKQKTDVH YRSLDGEENF NWRVFFPFYD LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIIPRLI420  
 IQIWDNDKFS LDDYLGFELE DLRHITIIPAK SPEKCRDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480  
 SMKGWWPCYA EKDGARVMAG KVENTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540

SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 289

- 5 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

DQHSCFKMSP DSKASHNPSF PKMGVESDME DETTAWMNLK PTKSCTSTSG PLKSGLLFTS 60  
SGLRGWSLST WKQGLCTAPS SPTFPRENFR CGWMFSPRVW GHQALLSTSH PGKPRNTTCV120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 290

- 25 (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

45 ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60  
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120  
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180  
PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240  
NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 291

- 50 (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein



SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 289

- 5 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

20

DQHSCFKMSP DSKASHNPSF PKMGVESDME DETTAWMNLK PTKSCTSTSG PLKSGLLFTS 60  
SGLRGWSLST WKQGLCTAPS SPTFPRENFR CGWMFSPRVW GHQALLSTSH PGKPRNTTCV120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 290

25

- (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

40

ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFERLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60  
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120  
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180  
45 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240  
NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 291

- 50 (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

GTGDGSKEIN IVWGIQVPIF HNGPWVSTNH PVARFPRIITS LASEGIIVPS TSTIRGMGVW 60  
RASCGDCRAD STSSIAQDRG PGLTIGHQAL GSLVWVGESW GQTWGEYLGG PRWLGWLDLR120  
QSWALSISEE VVKKRDFLFH FLNFLCMLVE DMFAHKLRTL EFLATERTQP LILAQFLRVG180  
GDELLHFLW VFAPHLGLF L 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 292

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

SVIFFKIGFC EGRVLVGRGGV PGSEAQSCVL SSSVWISLAA SLMSLRITICL CWVMPLMLRT 60  
RRVRSLETPG LSSHRRRRMF CRFQQISLML TLRSKVTQPR RKNLLSGWGS ESATRIKPGY120  
LLQREMISAR EMLGAMLRMK REQVLCSGRG LHSSPAASLG FSHSSSLGFS F 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 293

(A) LÄNGE: 485 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

GTGDGSKEIN IVWGIQVPIF HNGPWVSTNH PVARFPRTS LASEGIIVPS TSTIRGMGVW 60  
RASCGDCRAD STSSIAQDRG PGLTIGHQAL GSLVWVGESW GQTWGEYLG PRWLGWDLR120  
QSWALSISEE VVKKRDFLFH FLNFLCMLVE DMFAHKLRTL EFLATERTQP LILAQFLRVG180  
GDELLHFLW VFAPHLGLF L 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 292

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

SVIFFKIGFC EGRLVGRGGV PGSEAQSCVL SSSVWISLAA SLMSLRTICL CWVMPLMLRT 60  
RRVRSLETPG LSSHRRRMF CRFQQISLML TLRSKVTQPR RKNLLSGWGS ESATRIKPGY120  
LLQREMISAR EMLGAMLRMK REQVLCSGRG LHSSPAASLG FSHSSSLGFS F 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 293

(A) LÄNGE: 485 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

10 EKEKPKEE EW EKPKDAAGLE CKPRPLHKTC SLFMRNIAPN ISRAEIISLC KRYPGFMRVA 60  
LSEPPQERRF FRRGWVTFDR SVNKEICWN LQNIRLRECE LSPGVNRDLT RRVNRINGIT120  
QHKQIVRNDI KLAAKLIHTL DDRTQLWASE PGTPPLPTSL PSQNPILKNI TDYLIEEVSA180  
EEEELLGSSG GAPPEEPPKE GNPAEINVER DEKLIKVLDK LLLYLRIVHS LDYYNTCEYP240  
NEDEMPNRCG IIHVRGPMPP NRISHGEVLE WQKTFEEKLT PLLSVRESLS EEEAQKMGRK300  
DPEQEVEKFV TSNTQELGKD KWLCP LSGKK FKGPEFVRKH IFNKHAEKIE EVKKEVAFFN360  
NFLTDAKRPA LPEIKPAQPP GPAQILPPGL TPGLPYPHQT PQGLMPYGQP RPPILGYGAG420  
15 AVRPAPVPTGG PPYPHAPYGA GRGNYDAFRG QGGYPGKPRN RMVRGDPRAI VEYRDL DAPD480  
DVDFF 485

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 294

20 (A) LÄNGE: 368 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

ESSGFQAIGR AEDDARSCWV KTSESTRPYQ LLRRRRPTLI TYRIFRHHRR KDTSSGDHLT 60  
CRLDPQAKDL KDGTEEEATK RQEAPVDPRP EGDPORTVIS WRGAVIEPEQ GTELPSSRAE120  
VPTKPPLPPA RTQGTPVHLN YRQKGVIDVF LHAWKGYRKF AWGHDELKPV SRSFSEWFGL180  
40 GLTLIDALDT MWILGLRKEF EEARKWVSKK LHFEKDVDVN LFESTIRILG GLLSAYHLSG240  
DSLFLRKAED FGNRLMPAFR TPSKIPYSDV NIGTGVAHPP RWTSDSTVAE VTSIQLEFRE300  
LSRLTGDKKF QEAVEKVTQH IHGLSGKKDG LVPMEFINHS GPVSPWGVF HGGAPGADSL360  
LLSYLFE 368

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 295

45

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

10 EKEKPKEE EW EKPKDAAGLE CKPRPLHKTC SLFMRNIAPN ISRAEIISLC KRYPGFMRVA 60  
LSEPOQERRF FRRGWVTFDR SVNKEICWN LQNIRLRECE LSPGVNRDLT RRVNRINGIT120  
QHKQIVRNDI KLAAKLIHTL DDRTQLWASE PGTPPLPTSL PSQNPILKNI TDYLIEEVSA180  
EEEELLGSSG GAPPEEPPKE GNPAEINVER DEKLIKVLDK LLLYLRIVHS LDYNTCEYP240  
NEDEMPNRCG IIHVRGPMPP NRISHGEVLE WQKTFEEKLT PLLSVRESLS EEEAQKMGRK300  
DPEQEVEKFV TSNTQELGKD KWLCP LSGKK FKGPEFVRKH IFNKHAEKIE EVKKEVAFFN360  
NFLTDAKRPA LPEIKPAQPP GPAQILPPGL TPGLPYPHQT PQGLMPYGQP RPPILGYGAG420  
15 AVRPAVPTGG PPYPHAPYGA GRGNYDAFRG QGGYPGKPRN RMVRGDPRAI VEYRDL DAPD480  
DVDF 485

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 294

20 (A) LÄNGE: 368 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

ESSGFQAIGR AEDDARSCWV KTSESTRPYQ LLRRRRPTLI TYRIFRHHRR KDTSSGDHLT 60  
CRLDPQAKDL KDG TQEEATK RQEAPVDPRP EGD PQTVIS WRGAVIEPEQ GTELPSRRAE120  
VPTKPPLPPA RTQGTPVHLN YRQKGVIDVF LHAWKGYRKF AWGHDELKPV SRSFSEWFGL180  
40 GLTLIDALDT MWILGLRKEF EEARKWVSKK LHFEKDVDVN LFESTIRILG GLLSAYHLSG240  
DSLFLRKAED FGNRLMPAFR TPSKIPYS DV NIGTGVAHPP RWTSDSTVAE VTSIQLEFRE300  
LSRLTGDKKF QEAVEKV TQH IHGLSGKKDG LVPMFINTHS G PVSPTWGVF HGGAPGADSL360  
LLSYL FER 368

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 295

45

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

10 ALRSPPRMRI VLSNRLTSTS FSKCNFFDTH FLASSNSFLR PKIHMVSSAS ISVRPRPNHS60  
LKDLDTGFSS SWPHANLRYF FHACRKTSIT PFWR 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 296

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

30 LLRHPLPGFL KFFPQTQDPH GVQRVDQCET EAKPLTEGPG HRLQLVMAPC KLAVSFPCMQ60  
EDVNHALLAI VQMHWCALCP GRWQGRLGGH FCSS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 297

35 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

SGPLLAGPAT LTGRMSEVRL PPLRALDDFV LGSARLAAPD PCDPQRWCHR VINNLLYYQT 60

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

10 ALRSPPRMRI VLSNRLTSTS FSKCNFFDTH FLASSNSFLR PKIHMVSSAS ISVRPRPNHS60  
LKDLDTGFSS SWPHANLRYP FHACRKTSIT PFWR 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 296

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

30 LLRHPLPGFL KFFPQTQDPH GVQRVDQCET EAKPLTEGPG HRLQLVMAPC KLAVSFPCM60  
EDVNHALLAI VQMHWCALCP GRWQGRLGGH FCSS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 297

35 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

SGPLLAGPAT LTGRMSEVRL PPLRALDDFV LGSARLAAPD PCDPQRWCHR VINNLLYYQT 60

NYLLCFGIGL ALAGYVRPLH TLLSALVVAV ALGVLVWAAE TRALCAAAAA ATLQPAWPQC120  
LPSASWCSGS RAALAPSCSA SPGRCF 146

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 298

5

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

TQRHSHPPFS MLIPKLGPGA RHSQILNPGP KLFQTPPYLP TQVKTLNLE LRTQVFHAPV 60  
WMESGILTVG PLVQVIPTLT SPICLPPALL RHFAPHPNVP HHRQPRGEVG TGLSREWGVI120  
VSVAATIKPV ASLMPKKKKK STGRKYSSSS RP 152

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 299

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

RTTTTTIFAA GRLEFFFWHE RCNRLYCCSN TNIYAPFAE ACPHLTPWLS MVWNIGVRGK 60  
45 MPKQSWREAN GTGEGRDHLD QGSNSQDTRL HPHRGMEHLG SEFKIWQCLD LGWKVGWGLE120  
KLWSRVQDLR VPCSRPQFGD EHGEWGMVVS LGSQFEIGHG CSGLKPQFWG WM 172

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 300

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

50



NYLLCFGIGL ALAGYVRPLH TLLSALVVAV ALGVLVWAAE TRALCAAAAA ATLQPAWPQC120  
 LPSASWCSGS RAALAPSCSA SPGRCF 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 298

5

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

TQRHSHPPFS MLIPKLGPGA RHSQILNPGP KLFQTPPYLP TQVKTLNLE LRTQVFHAPV 60  
 WMESGILTVG PLVQVIPTLT SPICLPPALL RHFAPHNPV HHRQPRGEVG TGLSREWGVIY120  
 VSVAATIKPV ASLMPKKKKK STGRKYSSSS RP 152

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 299

30

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

45

RTTTTTIFAA GRLEFFFWHE RCNRLYCCSN TNIYAPFPPE ACPHLTPWLS MVWNIGVRGK 60  
 MPKQSWREAN GTGEGRDHLD QGSNSQDTRL HPHRGMEHLG SEFKIWQCLD LGWKVGWGLE120  
 KLWSRVQDLR VPCSRPQFGD EHGEWGMVGS LGSQFEIGHG CSGCLKPQFWG WM 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 300

50

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

15 WFWRESYWQT IKVDLQVEHP YQFLLKYAKQ LKGDKNKIQK LVQMAWTFVN DSLCTTSLIQ 60  
WEPEIIAVAV MYLAGRLCKF EIQEWTSKPM YRRWWEQFVQ DVPVDVLEDI CHQILDLYSQ120  
GKQQMPHHTP HQLQQPPSPE PPTPLPGPCG CWASHLKEGK VVQPEPVEQC PVWPPKPK 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 301

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

35 CISQDVCANL KYKNGPPNPC IGDGGSSLFK MSRSTFWKTS ATKSWIFTHK ENNRCLITPP 60  
40 ISCNSPHLLS LPPRCLGPVV AGPPTSRRGR LYSPNPWSNA LSQLQNQNKT GSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 302

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

15

WFWRESYWQT IKVDLQVEHP YQFLKLYAKQ LKGDKNKIQK LVQMAWTFVN DSLCTTSLQ 60  
WEPEIIAVAV MYLAGRLCKF EIQEWTSKPM YRRWWEQFVQ DVPVDVLEDI CHQILDLYSQ120  
GKQQMPHHTP HQLQQPPSPE PPTPLPGPCG CWASHLKEGK VVQPEPVEQC PVWPPKPK 178

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 301

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

CISQDVCANL KYKNGPPNPC IGDGSSSLFK MSRSTFWKTS ATKSWIFTHK ENNRCLITPP 60  
ISCNSPHLLS LPPRCLGPVV AGPPTSRRGR LYSPNPWSNA LSGLQNQNKT GSL 113

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 302

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

10 GGRPSNHRAQ AAGWEAQEMG AVAADGGCDE ASVVFLVSKD PGFGGRCLPK RRPQHLEQTA60  
PTISYTWVWR SILVFQICTN VLRDTSLLLL 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 303

15 (A) LÄNGE: 158 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

30 TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60  
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMKTVQSN120  
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFIFVG VIIGKIAL 158

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 304

35 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDESSL 60  
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

10 GGRPSNHRAQ AAGWEAQEMG AVAADGGCDE ASVVFLVSKD PGFGGRCLPK RRPQHLEQTA60  
PTISYTWVWR SILVFQICTN VLRDTSLLLL 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 303

15 (A) LÄNGE: 158 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

30 TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRVFEF PAENDKPHDV EINKIISTTA 60  
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LMRKTVQSN120  
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFIVG VIIGKIAL 158

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 304

35 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60  
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 305

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

20 FK GKTCEMSS YINFFLHMVM INLNPMIWWI HQSNLPSCAC YLYKAIFPII TPTIKNKTTR 60  
AKSRVLRPSS FPGVANAEMG LLLCTVFLIR SPSSSLNCLF SSRSL 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 306

- 25 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

40 RPPQRTLRRHS AQLGAAPAAL PQPLWELPRA HGSQRQPGPG EAADHAEQER EEAAERPGSS 60  
PEEGQEGSGA FGGHTGHRAC ARCLGRGALG GRIPCGLLCQ LFRRDGC PAD SEVQH HHHQH120  
WQQLLP 126

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 307

- 50 (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 305

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

20 FKGGKTCMSS YINFFLHMVM INLNPMIWWI HQSNLPSCAC YLYKAIFPII TPTIKNKTTR 60  
AKSRVLRPSS FPGVANAEMG LLLCTVFLIR SPSSSLNCLF SSRSL 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 306

- 25 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

40 RPPQRTLRRHS AQLGAAPAAL PQPLWELPRA HGSQRQPGPG EAADHAEQER EEAERPGSS 60  
PEEGQEGSGA FGGHTGHRAC ARCLGRGALG GRIPCGLLCQ LFRRDGC PAD SEVQHIIHQH120  
WQQLLP 126

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 307

- 50 (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

NVGRCEAQA RAGAASLNAS LDGLHNALFA TQRSLEQHQR LFHSLFGNFQ GLMEANVSLD 60  
LGKLQTMLSR KGKKQQKDLE APRKRDKEA EPLVDIRVTG PVPGALGAAL WEAGSPVAFY120  
ASFSEGTAAL QTVKFNTTYI NIGSSYFPEH GYFRAPERGV YLFAVSVEFG PGPGTGQLVF180  
15 GGHRTPVCT TGQSGSTAT VFAMAELOKG ERVWFELTQG SITKRSLSGT AFGGFLMFKT240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 308

20

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

35 KAGIEGHRGS CLPERRAQGT WHRPCDPYVH QRLRFLLVPL PGSFQVFLLL LPFPAQHGLQ 60  
LPQVQADVGF HEPLEVPKEA VEEPLVLLQA ALSGEECVVE AVKGGVEGGG PGPGLGLAAP120  
PDI 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 309

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

NVGRCEAQA RAGAASLNAS LDGLHNALFA TQRSLEQHQ R LFHSLFGNFQ GLMEANVSLD 60  
LGKLQTM LSR KGKKQQKDLE APRKRDKKEA EPLVDIRVTG PVPGALGAAL WEAGSPVAFY120  
ASFSEGTAAL QTVKFNTTYI NIGSSYFPEH GYFRAPERGV YLFAVSVEFG PGP GTGQLVF180  
15 GGHRTPVCT TGQSGSTAT VFAMAELOKG ERVWFELTQG SITKRSLSGT AFGGFLMFKT240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 308

20

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

KAGIEGHRGS CLPERRAOGT WHRPCDPYVH QRLRFLLVPL PGSFQVFLLL LPFPAQHGLQ 60  
LPQVQADVGF HEPLEVPKEA VEEPLVLLQA ALSGEECVVE AVKGGVEGGG PGPGLGLAAP120  
PDI 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 309

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

5

PTTTLVIPLF FLSSRRKRKQK DSFQTALCSL HCSFPAQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60  
TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 310

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKG I LSPQPTCAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60  
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120  
GGLCEGKD 128

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 311

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

50

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60  
TPWKRRITSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

5

PTTTLVIPLF FLSSRKRKQK DSFQTALCSL HCSFPAQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60  
TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 310

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVGI LSPQPTCAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60  
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120  
GGLCEGKD 128

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 311

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

50

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60  
TPWKRRTSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 312

- 5 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

20 ISTSIAALWL PGGQDAGGGA LWPLCGSRGL CVSDRFPGNF RARLTSWKFK YSIALEF 57

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 313

- 25 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

40 SAHQLOHCGY QGVRMRAVEP SGLCVVAEDS VSATVFRETS GRDSHLGNSN TQ 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 314

- 45 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 312

- 5 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

20 ISTSIAALWL PGGQDAGGGA LWPLCGSRGL CVSDRFPGNF RARLTSWKFK YSIALEF 57

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 313

- 25 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

40 SAHQLOHCGY QGVRMRAVEP SGLCVVAEDS VSATVFRETS GRDSHLGNSN TQ 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 314

- 45 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

10 NSRAIEYLNF QDVSLARKFP GKRSLTQSPR LPHKGQRAPP PAS 43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 315

15 (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDLQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEEDSVMD180  
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
EAFPALA 247

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 316

40 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

10 NSRAIEYLN F QDVSLARKFP GKRSLTQSPR LPHKGQRAPP PAS

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 315

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDDLQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEVSVMD180  
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
EAFPALA 247

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 316

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

FMKNKSLPL PISTFIWFS IKFYFCPLI LNSLPLIQSH LFWTLLFYLF NFILLIFSVC60  
 HWMFFTFRC FLSHI 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 317

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60  
 VHLVLPGRHV LGGQGLQN 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 318

- 25 (A) LÄNGE: 235 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

LHLGAQRALA PGLFRLQGML RALLGRQLFR ARGPPVVREP LPRTRLAVR HVWPPCDRPL 60  
 RVGPGSPLPP GPLMHLLPA PAHQGVLPGA RRQALLPALL PEALRLTARS ARPLPRRPRP120  
 PGKAGSSRP GLALRAGGPT HWRAPPLRY ESSGVKFRNG PARPKPTRPQ SGLHTDKNSR180  
 AGLHSIPTLE GAPLLGEGPC NSESEARPG RPCSLHPCSH VHHFYHLKHT HSTSK 235

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 319

- 50 (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear



FMKNKSLPL PISTFIWFSK IKFYFCPLI LNSLPLIQSH LFWTLLEYLF NFILLIFSVC60  
HWMMEFTFRC FLSHI 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 317

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60  
VHLVLPGRHV LGGQGLQN 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 318

- 25 (A) LÄNGE: 235 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

LHLGAQRALA PGLFRLQGM L RALLGRQLFR ARGPPVVREP LPRTRLAVR HWPPCDRPL 60  
RVGPGSPLPP GPLMHLLPA PAHQGVLPQA RRQALLPALL PEALRLTARS ARPLRRRPRP120  
PGKAGSSRP GLALRAGGPT HWRAPPLRY ESSGVKFRNG PARPKPTRPQ SGLHTDKNSR180  
AGLHSIPTLE GAPLLGEGPC NSSESEARPG RPCSLHPCSH VHHFYHLKHT HSTSK 235

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 319

- 50 (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

15 GSRPPPCSPR ATGPRPAMED LDALLSDLET TTSHMPRSGA PKERPAEPLT PPPSYGHQPQ 60  
TGSGESSGAS GDKDHLSTV CKPRSPKPAA PAAPPFSSSS GVLGTGLCEL DRLLQELNAT120  
QFNITDEIMS QFPSSKVASG EQKEDQSEDK KRPSLPSSPS PGLPKASATS ATLELDRLMA180  
SLSDFRVQNH LPASGPTQPP VVSSTNEGSP SPPEPTGKGS LDTMLGLLQS DLSRRGVPTQ240  
AKGLCGSCNK PIAGQVVTAL GRAWHPEHFV CGGCSTALGG SSFFEKDGAP FCPECYFERF300  
SPRCGFCNQF IRHKMVTALG THWHPEHFCC VSCGEPFGDE GFHEREGRPY CRRDFLQLFA360  
20 PRCQGCQGPI LDNYISALSA LWHPDCEVCR ECFAPFSGGS FFEHEGRPLC ENHFHARRGS420  
LCATCGLPVT GRCVSALGRR FHPDHFTCTF CLRPLTKGSF QERAGKPYCQ PCFLKLFG 478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 320

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

40 EQGLGVWRTR LFREGAASGG EGEPGLSAE ELQEAGLAVG LAGALLEGPL GERAQAEAGAC 60  
EVVRVEAATQ GRHAAAGHRE ATRGAQRAAS CVEVVLQRA ALVLEKAASR EGREAFPADE120  
TVRVPERAER RDVVIQDGL AALARGEQL QEVPAAVGAA LALVETLISE GLPATDAAEM180  
LWVPVSAQGG HHLVSDGLVA EATSWREALK VALGAEGGSI LLEEAAASQG GGTASANEVL240  
GVPGAAQSRH HLPNRFIAG ATEAFGLGNN TPAAEVGLQQ PQHGV 285

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 321

45

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

GSRPPPCSPR ATGPRPAMED LDALLSDLET TTSHMPRSGA PKERPAEPLT PPSYGHQPQ 60  
TGSGESSGAS GDKDHLSTV CKPRSPKPAA PAAPPFSSSS GVLGTGLCEL DRLLQELNAT120  
15 QFNITDEIMS QFPSSKVASG EQKEDQSEDK KRPSLPSSPS PGLPKASATS ATLELDRLMA180  
SLSDFRVQNH LPASGPTQPP VVSSTNEGSP SPPEPTGKGS LDTMLGLLQS DLSRRGVPTQ240  
AKGLCGSCNK PIAGQVV TAL GRAWHPEHFV CGGCSTALGG SSFFEKDGAP FCPECYFERF300  
SPRCGFCNQPI IRHKMVTALG THWHPEHFCC VSCGEPFGDE GFHEREGRPY CRRDFLQLFA360  
20 PRCQGCQGP I LDNYISALSA LWHFDCFVCR ECFAPFSGGS FFEHEGRPLC ENHFHARRGS420  
LCATCGLPVT GRCVSALGRR FHPDHFTCTF CLRPLTKGSF QERAGKPYCQ PCFLKLFG 478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 320

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

EQGLGVWRTR LFREGAASGG EGEPSGLSAE ELQEAGLAVG LAGALLEGPL GERAQAEGAC 60  
40 EVVRVEAATQ GRHAAAGHRE ATRGAQRAAS CVEVLAQRA ALVLEKAASR EGREAFPADE120  
TVRVPERAER RDVVIQDGAL AALARGEQL QEVPAAVGAA LALVETLISE GLPATDAAEM180  
LWVPVSAQGG HHLVSDGLVA EATSWREALK VALGAEGGSI LLEAAAASQG GGTASANEVL240  
GVPGAAQSRH HLPNRFIAG ATEAFGLGNN TPAAEVGLQQ PQHGV 285

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 321

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

10 GLHLQPLLWR QSTEEVREE GQALTEPKSC GAQGGAQHRG LTPCPTGNGL GLAQPKIPAL60  
SNSWRVDSVL ACLVSSDIFH TVEQNHQPCT DVTLCRKRK 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 322

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

30 ETQSSQRLTC PRSLGLDLSL RLRLQNPHSI CYISQGWGQG SCEQKEKYQL LKGLGFVGRA60  
RQGQRGIQNK GASTSAWDGP IHSRGCGVS PVLNRHLAS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 323

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

50 SNPKAPVSMW VKGPTMGTYT QDESSLASE SDCLPQTPPQ NRLLSHLPLH SDKTQAHIPG60  
PGVFACICID GNAGPAKAFF YIK 83

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

10 GLHLQPLLWR QSTEEEVREE GQALTEPKSC GAQGGAQHRG LTPCPTGNGL GLAQP KIPAL60  
SNSWRVDSVL ACLVSSDIFH TVEQNHQPCT DVTLCRKRP 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 322

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

30 ETQSSQRLTC PRSLGLDLSL RLRLQNPHSI CYISQGWGQG SCEQKEKYQL LKGLGFVGRA60  
RQGQRGIQNK GASTSAWDGP IHSGRGCGVS PVLNRHLAS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 323

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

50 SNPKAPVSMW VKGPTMGTYT QEDESSLASE SDCLPQTPPQ NRLLSHLPLH SDKTQAHIPG60  
PGVFACICID GNAGPAKAFF YIK 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 324

- 5 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

20 VFPTVLRGVL VPSSVTSKPG LIVPIGDEGG MRRSHLQLLS VERTSGTEKN RGP HGSLEGR 60  
GTRVGELIAE RRDVQRPSAP LSWDVNRIFP STPSLPPVLP LFFFPSIKRC I 111

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 325

- 25 (A) LÄNGE: 272 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40 SSRASGITRA ARPCPAKNEG PSKAFVNCDE NSRLVSLTLN LVTRADEGWY WCGVKQGHFY 60  
GETAAVYVAV EERKAAGSRD VSLAKADAAP DEKVLD SGFR EIENKAIQDP RLFAEEKAVA120  
DTRDQADGSR ASVDGSSEE QGGSSRALVS TLVPLGLVLA VGAVAVGVAR ARHRKNVDRV180  
SIRSYRTDIS MSDFENSREF GANDNMGASS ITQETSLGKK EEFVATTEST TETKEPKKAK240  
45 RSSKEEAEMA YKDFLLQSST VAAEAQDGPQ EA 272

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 326

- 50 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 324

- 5 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

20 VFPTVLRGVL VPSSVTSKPG LIVPIGDEGG MRRSHLQLLS VERTSGTEKN RGPFGSLEGR 60  
GTRVGELIAE RRDVQRPSAP LSWDVNRIFP STPSLPPVLP LFFFPSIKRC I 111

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 325

- 25 (A) LÄNGE: 272 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40 SSRASGITRA ARPCPAKNEG PSKAFVNCDE NSRLVSLTLN LVTRADEGWY WCGVKQGHFY 60  
GETAAVYVAV EERKAAGSRD VSLAKADAAP DEKVLD SGFR EIENKAIQDP RLFAEEKAVA120  
DTRDQADGSR ASVDSGSSEE QGGSSRALVS TLVPLGLVLA VGAVAVGVAR ARHRKNVDRV180  
SIRSYRTDIS MSDFENSREF GANDNMGASS ITQETSLGGK EEFVATTEST TETKEPKKAK240  
45 RSSKEEAEMA YKDFLLQSST VAAEAQDGPQ EA 272

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 326

- 50 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

TLVFGRLRTK PFRIPGFLQR KRRWQIQEIK PMGAEHLWIP AALRNKVEAP ERWSPPWCPW 60  
AWCWQWEPWL WGWPEPGTGR TSTEFQSEAT GQTLACQTSR TPGNLEPMTT WEPLRSLRRH120  
PSEEEKSLLP PLRAPQRPKN PRRQKGHPRR KPRWPTKTSC SSPAPWPPRP RTAPRKPRRC180  
15 RLLLPAPMTI TFRIMSILGP SAPGDPTPCS NTCLGFSYCP QRRAGPLLSG IKAWPNC SYW240  
G 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 327

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

35

AVVRVTWYKG EGITLPPVLT PALVRGESIP IRLFLAGYEL TPTMRDINKK FSVRYLNLV 60  
LIDEEERRYF KQQEVVLWRK GDIVRKSMH QAAIASQRFE GTTSLGEVRT PSQSDNNCR120  
Q 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 328

40

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

TLVFGRLRTK PFRIPGFLQR KRRWQIQEIK PMGAEHLWIP AALRNKVEAP ERWSPPWCPW 60  
AWCWQWEPWL WGWPEPGTGR TSTEFQSEAT GOTLACQTSR TPGNLEPMTT WEPLRSLRRH120  
PSEEEKSLLP PLRAPQRPN PRRQKGHPRR KPRWPTKTSC SSPAPWPPRP RTAPRKPRRC180  
15 RRLLPAPMTI TFRIMSILGP SAPGDPTPCS NTCLGFSYCP QRRAGPLLSD IKAWPNC SYW240  
G 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 327

20

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

AVVRVTWYKG EGITLPPVLT PALVRGESIP IRLFLAGYEL TPTMRDINKK FSVRYYNLV 60  
LIDEEERRYF KQQEVVLWRK GDIVRKSMH QAASQRFE GTTSLGEVRT PSQSDNNCR120  
Q 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 328

40

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

5 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRRLPC 60  
THLPWWAGFS LLGSTLPPSV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120  
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 329

10 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

25 VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60  
SPSSKTQGGP PRKGAHVPR GWLPGCYLFY PTSAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120  
DLFSGCK 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 330

30 (A) LÄNGE: 418 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

45 GSTSTKNTKI SQACGVIVEL IKSKKMAGGA VLLAGPPGTG KTALALAIQA ELGSKVPFCP 60  
MVGSEVYSTE IKKTEVLMEV FRAIGLRIK ETKEVYEGER TELTPCETEN PMGGYGKTIS120  
HVIIGLKTAK GTKQLKLDPS IFESLQKERV EAGDVIYIEA NSGAVKRQGR CDTYATEFDL180  
50 EAEYVPLPK GDVHKKEII QDVTLDLDV ANARPQGGQD ILSMMGQLMK PKKTEITDKL240  
RGEINKVVNK YIDQGIAELV PGVLFDVEVH MLDIECFTYL HRALESSIAP IVIFASNRGN300  
CVIRGTEDIT SPHGIPLDLL DRVMIIRTML YTPQEMKQII KIRAQTEGIN ISEEALNHLG360

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

5 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60  
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120  
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 329

10 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

25 VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60  
SPSSKTQGGP PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120  
DLFSGCK 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 330

30 (A) LÄNGE: 418 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

45 GSTSTKNTKI SQACGVIVEL IKSKKMAGGA VLLAGPPGTG KTALALAIQ ELGSKVPFCP 60  
MVGSEVYSTE IKKTEVLNEN FRAIGLRIK ETKEVYEGER TELTPCETEN PMGGYGKTIS120  
HVIIGLKTAK GTKQLKLDPS IFESLQKERV EAGDVIYIEA NSGAVKRQGR CDTYATEFDL180  
50 EAEYVPLPK GDVHKKKEII QDVTLDLDV ANARPQGGQD ILSMMGQLMK PKKTEITDKL240  
RGEINKVVNK YIDQGIAELV PGVLFVDEVH MLDIECFYTL HRALESSIAP IVIFASNRGN300  
CVIRGTEDIT SPHGIPLDLL DRVMIIRTML YTPQEMKQII KIRAQTEGIN ISEEALNHLG360

EIGTKTTLRY SVQLLTPANL LAKINGKDSI EKEHVEEISE LFYDAKSSAK ILGLTRQG 418

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 331

- 5 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VPQCGLGANL PQVVQCLLTD VDSFRLGTDF NDLFHFLLWSI QHGEDYHHSV QKVKRDAVRG 60  
CDVLSASDDT VASVGCKDDD GSDRRLQGAV QVGEALNVQH VDLINKQHTR DQLSNALVDV120  
LVHHLINLPS KFCVDFCLLW LH 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 332

- 25 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LAHHGQDILS PLGPRISHIQ VMQGHILDDF FLFVHIPFWQ GDILFSFKVE FCGIGITPAL 60  
PLHGPTVGFN VNHISFYSL FLQTFKNAGV QFQLFGSFGC FESYDHMANG FAISSHGILC120  
LTRS 124

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 333

- 50 (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

EIGTKTTLRY SVQLLTPANL LAKINGKDSI EKEHVEEISE LFYDAKSSAK ILGLTRQG 418

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 331

- 5 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VPQCGLGANL PQVVQCLLTD VDSFRLGTDF NDLFHLWSI QHGPDYHHSV QKVKRDAVRG 60  
CDVLSASDDT VASVGCKDDD GSDRRLQGAV QVGEALNVQH VDLINKQHTR DQLSNALVDV120  
LVHHLINLPS KFCVDFCLLW LH 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 332

- 25 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LAHHGQDILS PLGPRISHIQ VMQGHILDDF FLFVHIPFWQ GDILFSFKVE FCGIGITPAL 60  
PLHGPTVGFN VNHISSFYSL FLQTFKNAGV QFQLEGSFGC FESYDHMANG FAISSHGILC120  
LTRS 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 333

- 50 (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

QAMGKKQKNK SEDSTKDDID LDALAAEIEG AGAAKEQEPQ KSKGKKKKEK KKQDFDEDDI 60  
LKELEELSLE AQGIKADRET VAVKP TENNE EEFTSKDKKK KGQKGKKQSF DDNDSEELED120  
KDSKSKKTAK PKVEMYSGSL TNFLKKLKGK LKNQIRSGMG QRRMRITVKK LKSVQE 176

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 334

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

RFKIKKDKCT ESGNVLWEFN KLPKKAKGKA QKSNKKWDGS EEDEDNSKKI KERSRINSSG 60  
ESGDESDEF L QSRKGQKKNQ KNKPGPNIES GNEDDDASF K IKTVAQKKAE KKERERKKRD120  
EEKAKLRKLK EKEELETGKK DQSKQKESQR KFEETVKSK VTVDTGVIPA SEEKAETPTA180  
AEDDNEGDKK NER 193

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 335

40

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

QAMGKKQKNK SEDSTKDDID LDALAAEIEG AGAAKEQEPQ KSKGKKKKEK KKQDFDEDDI 60  
LKELEELSLE AQGIKADRET VAVKP TENNE EEFTSKDKKK KGQKGKKQSF DDNDSEELED120  
KDSKSKKTAK PKVEMYSGSL TNFLKKLKGK LKNQIRSGMG QRRMRITVKK LKSVQE 176

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 334

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

RFKIKKDCKT ESGNVLWEFN KLPKKAKGKA QKSNKKWDGS EEDEDNSKKI KERSRINSSG 60  
ESGDESDEFL QSRKGQKKNQ KNKPGPNIES GNEDDDASFK IKTVAQKKA EKKERERKKRD120  
EEKAKLRKLE EKEELETGKK DQSKQKESQR KFEETVKSK VTVDTGVIPA SEEKAETPTA180  
AEDDNEGDKK NER 193

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 335

40

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

5 ETVAFARPF PSLFSFPPLS SFLFLIFRS FCLLHCHLLQ LWESLLSLQR QELLQYQQL 60  
WILQFLQIS FEIPFVYSDP FYLFTLLFL SASAVSLFLH LAFFSRAPSF LPSFGPLS 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 336

10 (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

25 LQRLLPFGAE RPAHLCTGPG GEDGAGGRVP GTRPQRPPAL QRAEDGRQGG LRVAGTAGPP 60  
PGVPLRPGQG GSGHQEQGAS HPGSLDQGLT GAKRPQGCPA CGRRPPCVGG VPGSAHRPQP120  
EGAALRRGRS RLQQAGPCCC RVLWLRCHP AGLPRRPAA DPGARAAAGG RHLVCRSPLH180  
PGLRPPLPQW GLLRPEGGCL CVPVSRGIIR TALREGAGGE VSGGRGYLGL 230

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 337

30 (A) LÄNGE: 416 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

45 QDGSGPFLAD FNGFSHLELR GLHTFARDLG EKMALEVFL ARGPSGLLLY NGQKTDGKGD 60  
FVSLALRRDR LFRYDLGKG AAVIRSREPV TLGAWTRVSL ERNGRKGALR VGDGPRVLGE120  
SPVPHTVLNL KEPLYVGGAP DFSKLARAAA VSSGFDGAIQ LVSLGGRQLL TPEHVLQVD180  
50 VTSFAGHPCT RASGHPCLNG ASCVPREAAV VCLCPGGFSG PHCEKGLVEK SAGDVDTLAF240  
DGRTFVEYLN AVTESEKALQ SNHFELSRLT EATQGLVLWS GKATERADYV ALAIVDGHQ300  
LSYNLGSQPV VLRSTVPVNT NRWLRVVAHR EQREGSLQVG NEAPVTGSSP LGATQLDLDG360



:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

5 ETVAFARPF PSLFSFPPLS SFLFLIFRS FCLLHCHLLQ LWESLLSLQR QELLQYQSSL 60  
WILQFLLQIS FEIPFVYSDP FYLFLTLLFL SASAVSLFLH LAFFSRAPSF LPSFGPLS 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 336

10 (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

25 LQRLPPGAE RPAHLCTGPG GEDGAGGRVP GTRPQRPPAL QRAEDGRQGG LRVAGTAGPP 60  
PGVPLRPGQG GSGHQEQGAS HPGSLDQGLT GAKRPQGCPA CGRRPPCVGG VPGSAHRPQP120  
EGAALRRGRS RLQQAGPCCC RVLWLRCHP AGLPRRPPAA DPGARAAAGG RHVLCRSPLH180  
PGLRPPLPQW GLLRPEGGCL CVPVSRGILR TALREGAGGE VSGGRGYLGL 230

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 337

30 (A) LÄNGE: 416 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

QDGSGPFAD FNGFSHLELR GLHTFARDLG EKMALEVFL ARGPSGLLLY NGQKTDGKGD 60  
FVSLALRDRR LEFRYDLGKG AAVIRSREPV TLGAWTRVSL ERNGRKGALR VGDGPRVLGE120  
SPVPHTVLNL KEPLYVGGAP DFSKLARAAA VSSGFDGAIQ LVSLGGRQLL TPEHVLROVD180  
50 VTSFAGHPCT RASGHPCNLG ASCVPREAAV VCLCPGGFSG PHCEKGLVEK SAGDVDTLAF240  
DGRTFVEYLN AVTESEKALQ SNHFELSLRT EATQGLVLWS GKATERADYV ALAIVDGHQ300  
LSYNLGSQPV VLRSTVPVNT NRWLRVVAHR EQREGSLQVG NEAPVTGSSP LGATQLDTDG360

ALWLGGIPEL PVGPALPKAY GTGFVGCLRD VVVGHRPLHL LEDAVTKPEL RPCPTP 416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 338

- 5 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

20 NQHMKNNTAMA RPRYPGRRQR STPSHSELLS IAPRRRAWGVA EGYGHVQGGW AGPAEGQDTQ 60  
IGPGLASAPQ QPGLAQAARE QRRVPSSNI VWKSQYWRRR PRQGPEHTQE GAAQIGAWKG120  
PVGSPGGRAP SDLSPFLSG TRVPPD GARV IQEPGLLP GG DTVGQAQCKA GAQHLEAGVC180  
VLRLPSTPSP PRCHLACPSL STRSVCSTAA WTEGRPGQQS LRPTLRQENH IKKRQVYKNR240  
K 241

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 339

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

LLQPQGE MPP GNPPMSTRGQ EATVLRTPEN LAGELFLVHP SLQLYLCPAD NVKDWSKVVL60  
45 AYEPVWAIGT GKTATPQQG 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 340

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

ALWLGGLPEL PVGPALPKAY GTGFGCLRD VVGRHPLHL LEDAVTKPEL RPCPTP 416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 338

- 5 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

20 NQHMKN TAMA RPRYPGRRQR STPSHSELLS IAPRRWGV A EGYGHVQGGW AGPAEGQDTQ 60  
 IGPGLASAPQ QPGLAQAARE QRRVPSSNI VWKSQYWRRR PRQGPEHTQE GAAQIGAWKG120  
 PVGSPGGRAP SDLSSPFLSG TRVPPD GARV IQEPGLLP GG DTVGQAQCKA GAQHLEAGVC180  
 VLRLPSTPSP PRCHLACPSL STRSVCSTAA WTEGRPGQQS LRPTLRQENH IKKRQVYKNR240  
 K 241

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 339

- 30 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

LLQPQGEMPP GNPPMSTRGQ EATVLRTPEN LAGELFLVHP SLQLYLCPAD NVKDWSKVVL60  
 AYEVPWAIGT GKTATPQQG 79

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 340

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

FPVGVQLQSCQ YQWPTQAHRP GRPCSSPSRY LQGRDTAGGK GEQERALQPG SPEYEERWPP60  
AP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 341

15

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

SLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ DDLAPVLHVI CRAEIQLEGR VNKKESSQV LRSTKNGGLL60  
PPSGHWGISR WHLPLGLEKS 80

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 345

(A) LÄNGE: 257 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

FPVGVLSQSCQ YQWPTQAHRP GRPCSSPSRY LQGRDTAGGK GEQERALQPG SPEYEERWPP60  
AP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 341

15

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

SLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ DDLAPVLHVI CRAEIQLEGR VNKKESSQV LRSTKNGGLL60  
PPSGHWGISR WHLPLGLEKS 80

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 345

(A) LÄNGE: 257 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

KNLSQLEPRE NAKKEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLP RR 60  
 RSPASPRSAH LHHLGGLHF HLALADLLDV EGEGLVDR GLGARVHHV GREGFAQLVP120  
 RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLAGTHLG LLHLLGEG180  
 5 LEVVHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSS PSFSGSASDS240  
 FSDLLMLSLA GSFTSSW 257

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 346

(A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

25 KSRRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60  
 EGLLQGEDGE DQGAYPREPG EDAPDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120  
 AGQVAQILHA RPRGVRLQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHARDGG GGRSGGRPAT180  
 CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 347

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

45 GRLPGYPD RR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60  
 TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVS VN VKTVRGS LER120  
 QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEHEELGE180  
 50 RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240  
 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 348

5 KNLSQLEPRE NAKEEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLPRR 60  
 RSPASPRSAH LHHLGGLLEHF HLALADLLDV EGEWHLVDR GLGARVHHVV GREGFAQLVP120  
 RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLAGTHLG LLHLLLGEG180  
 LEVVHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSS PSFSGSASDS240  
 FSDLLMLSLA GSFTSSW 257

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 346

10 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

25 KSRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60  
 EGLLQGEDGE DQAYPREPG EDAPDQCKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120  
 AGQVAQILHA RPRGVRLQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHDRGG GGRSGGRPAT180  
 CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 347

30 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

45 GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60  
 TQAQLEERQA EMGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLER120  
 QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180  
 50 RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240  
 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 348

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

SSGSSRFGSS GSRRRYASLY FCCAIEDQDN ELITLEIIHR YVELLDKYFG SVCELDIIFN 60  
FEKAYFILDE FLGGGEVQET SKKNVLKAIE QADLLQEEAE TPRSGS 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 349

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

LFLMPQNKVR MVICQEFFIT VSYKKRVALF TVLCVKSLEK ARMFPLGYLL KLNLFCEFPPL60  
RSAAHFTAAS FLSMALPS 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 350

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

SSGSSRFGSS GSRRRYASLY FCCAIEDQDN ELITLEIIHR YVELLDKYFG SVCELDIIFN 60  
FEKAYFILDE FLLGGEVQET SKKNVLKAIE QADLLQEEAE TPRS GS 106

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 349

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

LFLMPQNKVR MVICQEFFIT VSYKKRVALF TVLCVKSLFK ARMFPLGYLL KLNLFCEPPL60  
RSAAHFTAAS FLSMALPS 78

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 350

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

TCLHGLYFHL YMLGWIKLCC DCDQHSGHVS TVLSHRQLVV INVQRTKKKK GAASLGGITG60  
SGVKR 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 351

10

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

LPGLPLRQLG GVCHGHRPGL LLHQQHGGGA GAVQQPQREE EALHDPGQGS APAELCQFQQ 60  
HVPRFPLQQP QAVQEGGGAG AGQGLVLWQP GAGLQGVQPG DDGAPDLQHG DAAGDSHHDD120  
PAQELPAAEH RAQGPGGPRP ALRGGARSNC RVCLVQMCPE APEGSHQLMP ASDPQQGWFA180  
30 AAAQGEPVSD PGHHHH 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 352

(A) LÄNGE: 361 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

SLASLSDSLG VSVMATDQDS YSTSSTEEEL EQFSSPSVKK KPSMILGKAR HRLSFASFSS 60  
50 MFHAFLSNNR KLYKKVVELA QDKGSYFGSL VQDYKVYSLE MMARQTSSTE MLQEIRTMMT120  
QLKSYLLQST ELKALVDPAL HSEEELEAIV ESALYKCVLK PLKEAINSCL HQIHSKDGSL180  
QQLKENQLVI LATTTTDLGV TTSVPEVPM EKILQKFTSM HKAYSPEKKI SILLKTCKLI240

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

TCLHGLYFHL YMLGWIKLCC DCDQHSGHVS TVLSHRQLVV INVQRTKKKK GAASLGGITG60  
SGVKR 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 351

10

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

LPGLPLRQLG GVCHGHRPGL LLHQQHGGGA GAVQQPQREE EALHDPGQGS APAELCQFQQ 60  
HVPRFPLQQP QAVQEGGGAG AGQGLVLWQP GAGLQGVQPG DDGAPDLQHG DAAGDSHHDD120  
PAQELPAAEH RAQGPGGPRP ALRGGARSNC RVCLVQMCPE APEGSHQLMP ASDPQQGWFA180  
30 AAAQGEVSD PGHHHH 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 352

35

(A) LÄNGE: 361 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

50

SLASLSDSLG VSVMATDQDS YSTSSTEEEL EQFSSPSVKK KPSMILGKAR HRLSFASFSS 60  
MFHAFLSNNR KLYKKVELA QDKGSYFGSL VQDYKVYSLE MMARQTSSTE MLQEIRTMMT120  
QLKSYLLQST ELKALVDPAL HSEEELEAIV ESALYKCVLK PLKEAINSCL HQIHSKDGSL180  
QQLKENQLVI LATTTTDLGV TTSVPEVPM EKILOKFTSM HKAYSPEKKI SILLKTCKLI240

YDSMALGNPG KPYGADDFLP VLMYVLARSN LTEMLLNVEY MMELMDPALQ LGEGSYLLTT300  
 TYGALEHIKS YDKITVTRQL SVEVQDSIHR WERRRTLNKA RASRSSVQPL HLRVVPGAR360  
 A 361

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 353

5

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

VDGFLQGLQD TFVQGRLYNC FELLGVQGG VHQGLELGAL QQVALELGHH GANLLQHLRA 60  
 GGLARHHLQA VHLVVLHQAA KVRALVLRQL HLLVQLAVV GEESVEHAAE TGKAQPVPSL120  
 AQDHGGLLLH AGAAELLQLL LRAAGGVGV L VGGHDRHPQA V 161

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 354

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

SGRGPKYVID VEQPFSCSTL DAVVNYFVSH TKKALVPFLL DEDYEKVLGY VEADKENG 60  
 VVWAPSAPGP GPAPCTGGPK PLSPASSQDK LPPLPLPNQ EENYVTPIGD GPAVDYENQD120  
 VASSWPVIL KPKKLPKPPA KLPKPPVGPK PEPKVFNGGL GREAASSVSA QLLSPQAGL180  
 GRHGRQSYRR SWEKRRGTGS MVSDTPGTSG LVPGRARW 218

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 355

- (A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

50

YDSMALGNPG KPYGADDFLP VLMYVLARSN LTEMLLNVEY MMELMDPALQ LGEGSYLT300  
 TYGALEHIKS YDKITVTRQL SVEVQDSIHR WERRRTLKNA RASRSSVQPL HLRVVPGARA360  
 A 361

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 353

5

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

VDGFLQGLQD TFVQGRLYNC FELLGVQGG VHQGLELGAL QQVALELGHH GANLLQHLRA 60  
 GGLARHHLQA VHLVVLHQAA KVRALVLRQL HLLVQLAVV GEESVEHAAE TGKAQPVPSL120  
 AQDHGGLLLH AGAAELLQLL LRAAGGVGVV VGGHDRHPQA V 161

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 354

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

SGRGPKYVID VEQPFSCSTL DAVVNYFVSH TKKALVPFLL DEDYEKVLGY VEADKENGEN 60  
 VWVAPSAPGP GPAPCTGGPK PLSPASSQDK LPPLPLPNQ EENYVTPIGD GPAVDYENQD120  
 VASSWPVIL KPKKLPKPPA KLPKPPVGP KPEPKVFNGGL GREAAASSVSA QPLLSPQAGL180  
 GRHGRQSYRR SWEKRRGTGS MVSDTPGTSG LVPGRARW 218

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 355

- (A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

15 AGEGVDGLTQ ETPLKPVSQL PGPAGAPTGR RGQAEDPGSV MASALRPPRV PKPKGVLPSH 60  
YYESFLEKKG PCDRDYKKFW AGLQGLTIYF YNSNRDFQHV EKLNLGAF EK LTDEIPWGSS120  
RDPGTHFSLI LRNQEIKFKV ETLECREMWK GFILTVVELR VPTDLTLLPG HLYMMSEVLA180  
KEEARALET PSCFLKVSRL EAQLLLERYP ECGNLLLRPS GDGADGVGHH AADAQRDARG240  
PALQGEAGGA PST 253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 356

20

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

LTTASREVQE NGCSTSITYL GPLPLHLVMP DHVRPVVHLP RGDHRHRRRP RWAAAAGSRT 60  
RGSAPGAVVP PAGSPSGSTR VSPVHGAPPL WPRLQTSCIG AQEAGSSRSG HGAPPPLR 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 357

40

(A) LÄNGE: 223 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

15 AGEVDGLTQ ETPLKPVSQL PGPAGAPTGR RGQAEDPGSV MASALRPPRV PKPKGVLPSH 60  
YYESFLEKKG PCDRDYKKFW AGLQGLTIYF YNSNRDFQHV EKLNLGAF EK LTDEIPWGSS120  
RDPGTHFSLI LRNQEIKFKV ETLECREMWK GFILTVVELR VPTDLTLLPG HLYMMSEVLA180  
KEEARALET PSCFLKVSRL EAQLLLERYP ECGNLLLRPS GDGADGVGHH AADAQRDARG240  
PALQGEAGGA PST 253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 356

20

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

LTASREVQE NGCSTSITYL GPLPLHLVMP DHVRPVVHLP RGDRHRRRRP RWAAAAGSRT 60  
RGSAPGAVVP PAGSPSGSTR VSPVHGAPPL WPRLQTSCIG AQEAGSSRSG HGAPPPLR 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 357

40

(A) LÄNGE: 223 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

5

DHTCGCAGNL QEAIMLRSGV TSQGIHPGSP WCCTPTQAEI IVGDQSGAIH IWDLKTDHNE 60  
QLIPEPEVSI TSAHIDPDAS YMAAVNSTGN CYVWNLTGGI GDEVTQLIPK TKIPAHTRYA120  
LQCRFSPDST LLATCSADQT CKIWRTSNFS LMTELSIKSG NPGESSRGWM WGCAFSGDSQ180  
YIVTASSDNL ARLWCVETGE IKREYGGHQK AVVCLAFNDS VLG 223

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 358

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

30

FFFFFFFFFP EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVNPVPG WPGHLHQGGQ LLAGTNKPFH 60  
LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLRPLSSFPG SADFPQCRL AQSRSVQPG120  
GRALSHLDKQ LGAESPRAAW PSRSRRHRGP SGPVAQAGRG GSALTWVLHG SLQLPPPAPG180  
SPEGSQASPA HCH 193

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 359

35

(A) LÄNGE: 251 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

PGCCMGPPSS HHLHQAVPRG HRLAQHTVIE GQADNSLLVA AILSLDLSSL HTPPEGQVVR 60



## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

5

DHTCGCAGNL QEAIMLRSGV TSQGIHPGSP WCCTPTQAEI IVGDQSGAIH IWDLKTDHNE 60  
 QLIPEPEVSI TSAHIDPDAS YMAAVNSTGN CYVWNLTGGI GDEVTQLIPK TKIPAHTRYA120  
 LQCRFSPDST LLATCSADQT CKIWRTSNFS LMTELSIKSG NPGESSRGWM WGCAFSGDSQ180  
 YIVTASSDNL ARLWCVETGE IKREYGGHQK AVVCLAFNDS VLG 223

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 358

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

30

FFFFFFFFFP EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ LLAGTNKPFH 60  
 LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLRPLSSFPG SADFPQCRL AQSRVQPG120  
 GRALSHLDKQ LGAESPRAAW PSRSRRHRGP SGPVAQAGRG GSALTWVLHG SLQLPPPAPG180  
 SPEGSQASPA HCH 193

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 359

35

(A) LÄNGE: 251 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

50

PGCCMGPPSSC HHLHQAVPRG HRLAQHTVIE GQADNSLLVA AILSLDLSSL HTPEPGQVVR 60

GSSDDVLGVP REGAAPHAA GGLPGVAALD AQLRHQGEVG RPPDLARLIS RAGGEERGVG120  
 AEATLQGVAR VGRDLSLGDE LGHLVTNAPR QIPDIAVSGA IDSCHVAGVG IDVGGRDGD180  
 GLRDQLLVVV CFQVPDSDSP ALVTHDELCL GWGAAPGTPR VNALGGHTGP QHDCFQVTS240  
 TSACMILTSS C 251

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 360

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

GNIPHSNLTD ASSPKRIKIV ACTDQENILG RMKYVCLFFF KNKGFWNSGE

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 361

25

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

KGNQLYQGET RALGTMTRT AFILHSDCF QSSNDCQATS QMTDNFCCSF LYKMLRQQA 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 362

45

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

GSSDDVLGVP REGAAPHAA GGLPGVAALD AQLRHQGEVG RPPDLARLIS RAGGEERGVG120  
 AEATLQGVAR VGRDLSLGDE LGHLVTNAPR QIPDIAVSGA IDSCHVAGVG IDVGGRDGD180  
 GLRDQLLVVV CFQVPDVSF ALVTHDELCL GWGAAPGTPR VNALGGHTGP QHDCFLQVTS240  
 TSACMILTSS C 251

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 360

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

GNIPHSNLTD ASSPKRIKIV ACTDQENILG RMKYVCLFFF KNKGFWNSGE

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 361

25

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

KGNQLYQGET RALGTMTRT AFILHSDCF QSSNDCQATS QMTDNFCCSF LYKMLRQQA 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 362

45

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

DKILLSPRME CSGMIMAHCS LDLPGSHLSL PSSWDHRHVP PCPANFYFGR DKVSPCCLGR60  
FQTPGLK 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 363

15 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

MRRCIHPSHS LSGSRQTQSP LSHSASNGST TKVAQQMRRA AAVVGESTEE TRLGRALGAA60  
GFTNKQLSEN TAQGEKRVN CLQN 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 364

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

CAYRTEKWKs HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

DKILLSPRME CSGMIMAHCS LDLPGSHLSL PSSWDHRHVP PCPANFYFGR DKVSPCCLGR60  
FQTPGLK 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 363

15 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

MRRCIHPSHS LSGSRQTQSP LSHSASNGST TKVAQQMRRA AAVVGESTEE TRLGRALGAA60  
GFTNKQLSEN TAQGEEKRVM CLQN 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 364

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

CAYRTEKWKS HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60

RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120  
 HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 365

- 5 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

20 PYVHSPAWSP WGLVGRLVSV HTDIPATFRT LIVSAEVALG SQLQTQPPW FQLLSFYIIL 60  
 ETPGLIFLR TQHSLCHFSV RPKKMAPCHL EADQVITVSP TASTVCIWYI VQAP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 366

- 25 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

40 NLHSNIKVFF YNVPKISGPQ QAVFVPVFFN 30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 367

- 45 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120  
 HHCIPNR 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 365

- 5 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

20

PYVHSPAWSP WGLVGRILSV HTDIPATERT LIVSAEVALG SQLQTQPPW FQLLSFQYIL 60  
 ETTPLGLIFLR TQHSLCHFSV RPKMAPCHL EADQVITVSP TASTVCIWYI VQAP 114

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 366

- 25 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

40

NLHSNIKVFF YNVPKISGPQ QAVFVPVFFN

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 367

- 45 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

10 KECMSEAQFL ATTLTGNNC RGILQLIHTQ HLLHTVFTDS NLVG

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 368

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

30 NVDFRCKNML EIRFSAIKPN TKKIKKNVCQ KPNS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 369

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60  
50 TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRRA EPQERGEPA GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120  
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEE 147



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

10 KECMSEAQFL ATTLTGKNNC RGILQLIHTQ HLLHTVFTDS NLVG

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 368

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

30 NVDFRCKNML EIRFSAIKPN TKKIKKNVCQ KPNS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 369

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60  
50 TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPA GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120  
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEE

147

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 370

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSVA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60  
QQTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTK120  
QKNDSDVTEV MWQPALRRGR GLQAQGYGVR IQDAGVYLLY SQVLFQDVTF TMGQVVSREG180  
QGRQETLERC IRSMPSHPDR AYNCSYSAGV FHLHQGDILS VIIPRARA KL NLSPHGTFLG240  
FVKL 244

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 371

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESFFCFWVS TALLFRDLSP LSQASRASEL 60  
CSGRLCQGYF SPFWEGPPVP CSRLTSLRL CSSVCWVSRA MAQATAPRAA PQLNQRATES120  
AGSLTGPPML PGGPLGASKK GDEAGMSWGP CQQLWFQEWG SKEVAGRVRV RAVVQKGRRL180  
LRKEK 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 372

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 370

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSVA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60  
QQTSLQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120  
QKNDSDVTEV MWQPALRRGR GLQAQGYGVR IQDAGVYLLY SQVLFQDVTF TMGQVVSREG180  
QGRQETLFRG IRSMPSHPDR AYNCSYSAGV FHLHQGDILS VIIPRARA KL NLSPHGTFLG240  
FVKL 244

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 371

- (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESFFCFWVS TALLFRDLSP LSQASRASEL 60  
CSGRLCQGY SPFWEGPPVP CSRLTSLRL CSSVCWVSRA MAQATAPRAA PQLNQRATES120  
AGSLTGPPML PGGPLGASKK GDEAGMSWGP CQQLWFQEWG SKEVAGRV RV RAVVQKGRRL180  
LRKEK 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 372

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

VLVHCASRYR RRARQTCAPS YTRSADLPSR TPPVEDLLEL SRAFWVGADG GGRVRVLGGT 60  
EAHEDGIPPE SMDHYADGHR PQHCHLGYRC HGRPQREGLP RCLKVPPVNL SSVSVFPFVT120  
HRAGMEFNGC SGQTLVHGQT SLLWILQD 148

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 373

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

CLPVRRRLRQF EPKTPKVEAE FQSMGSRLSQ PFESYITAPP GTAAAPAKPA PPATPGAPTS 60  
PAEHRLLKTC WSCRVLGLG LMGAGGYVYW VARKPMKMGY PPSPWTITQM VIGLSIATWG120  
IVVMADPKGK AYRVV 135

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 374

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

VLVHCASRYR RRARQTCAPS YTRSADLPSR TPPVEDLLEL SRAFWVGADG GGRVRVLGGT 60  
EAHEDGIPPE SMDHYADGHR PQHCHLGYRC HGRPQREGLP RCLKVPPVNL SSVSVFPFVT120  
HRAGMEFNGC SGQTLVHGQT SLLWILQD 148

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 373

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

CLPVRRRLRQF EPKTPKVEAE FQSMGSRLSQ PFESYITAPP GTAAAPAKPA PPATPGAPTS 60  
PAEHRLLKTC WSCRVLGLG LMGAGGYVYW VARKPMKMGY PPSPWTITQM VIGLSIATWG120  
IVVMADPKGK AYRVV 135

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 374

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

5 IPCLLCVSRG KGQRQKTDLS VVLSNNAVGL PFGVCHDNDT PGGNAEADDH LRNGPWTRGV 60  
SHLHGLPCHP VHVPARPHQP QPRKHATAPA GLQQAVFCWG GRRSGCSWGR RFGGRGGGTG120  
RRSDIGLKRRL GQPRPHALEL GLNLGRLWFK LA 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 375

10 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

25 GAELQLRSCA MAVSQEGLDG EVKAPDARIF IPCANTAFTP DLQVLQQVLS SFTVSSPLFH 60  
SGFICYTPNL FSQSTPQSLP CWGQHRKRQN LRKEKGNLQP AMDLMIP 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 376

30 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

45 IPKNFYHNIH RSLYQLYLEV KQAWESIDCS ACPRVEALNK ATKTPFITDL TFQWPTGPGS 60  
GOVGHQANHL FPCASLCKSW SVPLARPSLV QDLGPQTKES RGLGFDPDRM VSL 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 377

50 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

5 IPCLLCVSRG KGQRQKTDLS VVLSNNAVGL PFGVCHDNDT PGGNAEADDH LRNGPWTRGV 60  
SHLHGLPCHP VHVPARPHQP QPRKHATAPA GLQQAVFCWG GRRSGCSWGR RFGGRGGGTG120  
RRSDIGLKRL GQPRPHALEL GLNLGRLWFK LA 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 375

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

25 GAELQLRSCA MAVSQEGLDG EVKAPDARIF IPCANTAFTP DLQVLQQVLS SFTVSSPLFH 60  
SGFICYTPNL FSQSTPQSLP CWGQHRKRQN LRKEKGNLQP AMDLMIP 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 376

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

45 IPKNFYHNIH RSLYQLYLEV KQAWESIDCS ACPRVEALNK ATKTPFITDL TFQWPTGPGS 60  
GOVGHQANHL FPCASLCKSW SVPLARPSLV QDLGPQTKES RGLGFDPDRM VSL 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 377

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
50 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15 FGGPQAQPHS AVGSSLSSQI QVNLSFKNKG EPQTCSTTRD NNTPWQEDHV LDCLRTATVR 60  
QEACCDPLCS MPFAQASSIP YHLPMLFFG TTTLAKREYG KQRPRALLQY RHFVGRQHM120  
LHSK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 378

20 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

35 HKIILISRYR RNSVVCQAI LYTPMILQRK HPSLLLPLW QKICCSSTL KRRKRNNLSL60  
IPKLP 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 379

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15 FGGPQAQPHS AVGSSLSSQI QVNLSFKNKG EPQTCSTTRD NNTPWQEDHV LDCLRTATVR 60  
QEACCDPLCS MPFAQASSIP YHLPMLFFG TTTLAKREYG KQRPRALLQY RHFEVGRQHM120  
LHSK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 378

20 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

35 HKIILISRYR RNSVVCQAI LYTPMILQRK HPSLLLPLLW QLKICSSTL KRRKRNNLSL60  
IPKLPH 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 379

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 PEKSPGAGPL LGGSPFFFFF YVSKSTEFIL KHSIKFESHE TKASLHYMLI LAKSKDQHTI60  
DIHDNVV 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 380

- 10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

25 FCIHFECLEHV KTQLIYYFNI KPISFEAKLI LLFYKSNNGDS FFRMLKAQCL RFMLAALLAL60  
LLPEMKTQN R 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 381

- 30 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

45 MDGAQGRLLP VSSRHSNLAL LKPTSRDLTA PPEGASLMTV GGITAPRDVQ VWNPRTWESV 60  
TLRGKRDPAP VLQFRISWWG DDRGWLRWAL SNHGGPYKGR GVTRVCA 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 382

- 50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 PEKSPGAGPL LGGSPFFFFF YVSKSTEFIL KHSIKFESHE TKASLHYMLI LAKSKDQHTI60  
DIHDNVV 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 380

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

25 FCIHFECLEHV KTQLIYYFNI KPISFEAKLI LLFYKSNNGDS FFRMLKAQCL RFMLAALLAL60  
LLPEMKTQON R 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 381

30 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

45 MDGAQGRLLP VSSRHSNLAL LKPTSRDLTA PPEGASLMTV GGITAPRDVQ VWNPRTWESV 60  
TLRGKRDPAP VLQFRISWWG DDRGWLRWAL SNHGGPYKGR GVTRVCA 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 382

50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

15 EVENHTNLLS YSSRGQESKM VFTRLKSCQC GFVSPRRLWG RIQCLFQLLQ GPPHRLAPGL 60  
LAIFTARSFL ASCADPRDSP SLIRAPMITQ GPPQPSTVIS PPRNPELKHR RRVPFATQGN120  
TFPRPGVPNL DISGGCYSTH RHQ 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 383

20 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

35 SHTHAQLSNH GGVQEPPLPL GVPKPWGS DS GALSRPGCKL KTPGGFQNAQ CLGHNL DQLN60  
LNLQRDITAP QETPRGSQSA KPEETI 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 384

40 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

15 EVENHTNLLS YSSRGQESKM VFTRLKSCQC GFVSPRRLWG RIQCLFQLLQ GPPHRLAPGL 60  
LAIFTARSFL ASCADPRDSP SLIRAPMITQ GPPQPSTVIS PPRNPELKHR RRVPFATQGN120  
TFPRPGVPNL DISGGCYSTH RHQ 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 383

20 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

35 SHTHAQLSNH GGVQEPPLPL GVPKPWGS DS GALSRPGCKL KTPGGFQNAQ CLGHNL DQLN60  
LNLQRDITAP QETPRGSQSA KPEETI 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 384

40 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

5 LEPPIRFQQKV MEKETEKRIE EIEDAAFLAR EKAKQDAEYY AAHKYATSNK HKLTPEYLEL 60  
KKYQAIASNS KIYFGSNIPN MFVDSSCALK YSDIRTGRES SLPSKEALEP SGENVIQNKE120  
STG 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 385

10 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

25 DNSCVRYVEA QQKSHGTTSR NLSAVRPVSL MTVCWLCQTL YLGKESPDNL GSFPWALSYP60  
GICNMEKIIF HFCSFNSINS LYK 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 386

30 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

45 CLTFQCRQYL SIRLSSEFMSS SLERNTRYRIL DKTVAEKTIC VSDSWLYPPI SGAPRTIAGE60  
VEQMKCKFSV NLKSPYNDCS HLTPWATS 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 387

50 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

5 LEPIRFQQKV MEKETEKRIE EIEDAAFLAR EKAKQDAEYY AAHKYATSNK HKLTPEYLEL 60  
KKYQAIASNS KIYFGSNIPN MFVDSSCALK YSDIRTGRES SLPSKEALEP SGENVIQNKEL 120  
STG 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 385

10 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

25 DNSCVRYVEA QQKSHGTTSR NLSAVRPVSL MTVCWLCQTL YLGKESPDNL GSFPWALSYR60  
GICNMEKIIF HFCFSNSINS LYK 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 386

30 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

45 CLTFQCRQYL SIRLSSFMS SLENTYRIL DKTVAEKTIC VSDSWLYPPI SGAPRTIAGE60  
VEQMKCKFSV NLKSPYNDCS HLTPWATS 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 387

50 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

15 TCEPFRNPQV GKDP T PSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 388

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

35 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120  
GENSCLSLFK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 389

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH



- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

15 TCEPFRNPQV GKDP T PSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 388

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

35 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120  
GENSCLSLFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 389

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

5 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 390

10 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

25 RCPRRGREMD SGCWLFGEF EDSVFEERPE RRSPPASYC AKLCEPQWFY EETESSDDVE 60  
VLTLKKFKGD LAYRRQEYQK ALQEYSSISE KLSSTNFAMK RDVQEGQARC LAHLGRHMEA120  
LEIAANLENK ATNTDHLTTV LYLQLAICSS LQNLEKTIFC LQKLISLHPF NPWNWGKLA180  
AYLNLGPALS AALASSQKQH SFTSSDKTIK SFFPHSGKDC LLCFPETLPE SSLIFCGRDT240  
30 RNGRKIGKFC KCANLVGERG TG 262

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 391

35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

50 KPVPLSPTRL AHLQNFPIFL PFLVSLPQKI KELSGKVSGK HKRQSFPECG KKDILIVLSLE60  
VKLCCF 66

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 392

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

5 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 390

10 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

25 RCPRRGREMD SGCWLFGEF EDSVFEERPE RRSPPASYC AKLCEPQWFY EETESSDDVE 60  
VLTLKKFKGD LAYRRQEYQK ALQEYSSISE KLSSTNFAMK RDVQEQARC LAHLGRHMEA120  
LEIAANLENK ATNTDHLTV LYLQLAICSS LQNEKTIFC LQKLISLHPF NPWNWGKLA180  
AYLNLGPALS AALASSQKQH SFTSSDKTIK SFFPHSGKDC LLCFPETLPE SSLIFCGRDT240  
30 RNGRKIGKFC KCANLVGERG TG 262

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 391

35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

50 KPVPSPTRL AHLQNFPIFL PFLVSLPQKI KELSGKVSGK HKRQSFPECG KKDILIVLSLE60  
VKLCCF 66

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 392

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

20 QAGGRVPWLN GLCWLLYFPS LQQSPAPPYA YPGEPDTEPD LPGHPFSWQN WLMTIFQRYW60  
NTPAVLSDTL VVCRPGLL 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 393

- 25 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

40 TSLEGIDLQP SHLTIYTAAL KEKTPDFRRL SPRVSETADS RKVARGPRFV MRDNPGRGGD60  
HRGLQAPGWM KEGRGWGV 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 394

- 45 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

20 QAGGRVPWLN GLCWLLYFPS LQOSPAPPYA YPGEPTDTPD LPGHPFSWQN WLMTIFQRYW60  
NTPAVLSDTL VVCRPGLL 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 393

- 25 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

40 TSLEGIDLQP SHLTIYTAAL KEKTPDFRRL SPRVSETADS RKVARGPRFV MRDNPGRGGD60  
HRGLQAPGWM KEGRGWGV 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 394

- 45 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

VTTPPPSQIS SFLPPSTAPF TKPPIPDPPS STPAPGDPYD HPRARGCPAL QIGAHGRPYG60  
SPRSPRREER DV 72

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 395

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

PPPPPPKFHP SFRLLOPPLQ NPPSPTLLHP PRRLETPMIT PAPGVVPHYK SGPTGDLTG60  
RGLRDARRET SEVWRLFLQG CCVDCEVGGL KINSLEGG 98

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 396

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

NWRQTVWQRV REGACAQESS RPASGCRFLR CAIGASAFSG DRGSAVATNT QPHTNNH60  
WGQPHPVQAF TNVISVLFYF 80

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 397

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

VTTPPPSQIS SFLPPSTAPF TKPPDPDPPS STPAPGDPYD HPRARGCPAL QIGAHGRPYG60  
SPRSPRREER DV 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 395

10

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

PPPPPPKFHP SFRLLQPPLQ NPPSPTLLHP PRRLETPMIT PAPGVVPHYK SGPTGDLTG60  
RGLRDARRET SEVWRLFLQG CCVDCEVGGL KINSLEGG 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 396

30

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

NWRQTVWQRV REGACAQESS RPASGCRFLR CAIGASAFSG DRGSAVATNT QPHTNHHTK60  
WGQPHPVQAF TNVISVLFYF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 397

50

- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

YDNSSTCKKG KVFPGKISVT VSETFDPEEK HSMAYQDLHS EITSLFKDVF GTSVYGQTVI 60  
 LTVSTSLSPR SEMRADDKFV NVTIVTILAE TTSDNEKTVT EKINKAIRSS SSNFLNYDLT120  
 LRCDYYGCNQ TADDCLNGLA CDCKSDLQRP NPQSPFCVAS SLKCPDACNA QHKQCLIKKS180  
 20 GGAPECACVP GYQEDANGNC QKCAFGYSL DCKDKFQLIL TIVGTIAGIV ILSMIIALIV240  
 TARSNNKTKH IEEENLIDED FQNLKLRSTG FTNLGAEGSV FPKVRITASR DSQM QNPYSR300  
 HSSMPRPDY 309

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 398

25

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

40

QALIASTTFN VIDSYLASEL DSLQFTTTSI QRGWQMSDGR KTPEARSLLV LTSPSVFLNT 60  
 LNNSLYIGWG PWRVPHSYDS NSQGGACCCV LNRDFASGCL WRPLS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 399

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

YDNSSTCKKG KVFPGKISVT VSETFDPEEK HSMAYQDLHS EITSLFKDVF GTSVYGQTVI 60  
LTVSTSLSPR SEMRADDKVF NVTIVTILAE TTSDNEKTVT EKINKAIRSS SSNFLNYDLT120  
LRCDYYGCNQ TADDCLNGLA CDCKSDLQRP NPQSPFCVAS SLKCPDACNA QHKQCLIKKS180  
20 GGAPECACVP GYQEDANGNC QKCAFGYSL DCKDKFQLIL TIVGTIAGIV ILSMIIALIV240  
TARSNNKTKH IEEENLIDED FQNLKLRSTG FTNLGAEGSV FPKVRITASR DSQMNPYSR300  
HSSMPRPDY 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 398

25

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

QALIASTTFN VIDSYLASEL DSLQTFTTSI QRGWQMSDGR KTPEARSLLV LTSPSVFLNT 60  
LNNSLYIGWG PWRVPHSYDS NSQGGACCCV LNRDFASGCL WRPLS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 399

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

10 CFSCFVICSV SLCTLNIYPL CDKKKKKKKK SRTSTFDFSQ PQPRKNGSWD KQLVFVSKTQ60  
IGHINATAFR SFDFD 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 400

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

30 RKKAVCFMND LICFLDNTEFK NNVLQAWWC VHLVPTIWEA EAGGSLEPRS LKLQCPVVAP60  
VNNCTPAWAT 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 401

35 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

50 LVPQGSLLQT HPFVFFSFLE MRSRYVAQAG VQLFTGATTG HCSFKLLGSS DPPASASQIV60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

10 CFSCFVICSV SLCTLNIYPL CDKXXXXXXXX SRTSTFDFSQ PQPRKNGSWD KQLVFSVSKTQ60  
IGHINATAFR SFDFD 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 400

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

30 RKKAVCFMND LICFLDNTEK NNVLSQAWWC VHLVPTIWEA EAGGSLEPRS LKLQCPVVAP60  
VNNCTPAWAT 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 401

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

50

LVPQGSLLQT HPFVFFSFLE MRSRYVAQAG VQLFTGATTG HCSFKLLGSS DPPASASQIV60

GTRCTHHHA

69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 402

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

20 PPLWVATVRN GCCHVFWTLP ANRSLPGFGN TSITSLLLFC RDKTFEVARP RTSKDSCYSA60  
TVYTAHLSYS HVLSSLVRLF 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 403

- 25 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

40 LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLP RCYFSAGIKL LRWPDPEHPR60  
IPVTVLQYTL LIYPILMCFL L 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 404

- 45 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50

GTRCTHHHA

69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 402

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

20

PPLWVATVRN GCCHVEWTLF ANRSLPGFGN TSITSLLLFC RDKTFEVARP RTSKDSCYSA60  
TVYTAHLSYS HVLSSLVRLF 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 403

- 25 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

40

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLLP RCYFSAGIKL LRWPDPEHPR60  
IPVTVLQYTL LIYPILMCFL L 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 404

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

VSHYPHSVSK PPKHQTKQMV VALTHSRLTS EFKWENTPYT TVIIPLWTLN ITYFLKIILL60  
KKKAHENRIN EQCIL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 405

15

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

RYLNMGNLLK VLTCTDLEQG PNFFLDFENA QPTESEKEIY NQVNVVLKDA EGILEDLQSY 60  
RGAGHEIREA IQHPADEKLQ EKAWGAVVPL VGKLKKFYEF SQRLEAALRG LLGALTSTPY120  
SPTQHLEREQ ALAKQFAEIL HFTLRFDELK MTNPAIQNDF SYRRTLSRM RINNVPAEGE180  
35 NEVNNELANR MSLFYAEATP MLKTLSDATT KFSSENKNLP IENTTDCLST MASVCRVMLE240  
TPEYRSRFTN EETVSFCLRV MGVVILYDH VHPVGAFAKT SKIDMKGCIK VLKDQPPNSV300  
EGLLNALRYT TKHLNDETS KQIKSMLQ 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 406

40

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

VSHYPHSVSK PPKHQTKQMV VALTHSRLTS EFKWENTPYT TVIIPLWTLN ITYFLKIILL60  
KKKAHENRIN EQCIL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 405

15

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

RYLNMGNLLK VLTCTDLEQG PNFFLDFENA QPTESEKEIY NQVNVVLKDA EGILEDLQSY 60  
RGAGHEIREA IQHPADEKLQ EKAWGAVVPL VGKLKKFYEF SQRLEAALRG LLGALTSTPY120  
SPTQHLEREQ ALAKQFAEIL HFTLRFDELK MTNPAIQNDF SYRRTLSRM RINNVPAEGE180  
35 NEVNNELANR MSLFYAEATP MLKTLSDATT KFSSENKNLP IENTTDCLST MASVCRVMLE240  
TPEYRSRFTN EETVSFCLRV MGVIIILYDH VHPVGAFAKT SKIDMKGCIC VLKDQPPNSV300  
EGLLNALRYT TKHLNDETTTS KQIKSMLQ 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 406

40

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

5 YYIHLIINFL LRLCRLGIFK IKEKIWPLLK VCACQNFKKI PHVKVPSASA GDSVLVLLSS 60  
ARASRRSQSR SCALLDRRG SSAALGGAPG PERGSGGSRT GSPSTPAPVA EPPQA 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 407

- 10 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

25 QEPALALDAG WENMGYLLRL PEDLLMLLLT SEKIRKISLI CLLVEQLHPM PSLATSHLLD 60  
AGLPLVFRGQ LLCMTASPPR CLLHLLILHS PDYKFPSQTL 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 408

- 30 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

45 TVLHSHLPSS CLPCLSTHSV KEPRGATSPR LCFPTACGMG VSSATAGLRC FHQPCRHLVL 60  
HEEQTLRGWS GMGRSPLGGQ ALVPSRFPSL APGVHTAQSA PGGWKPPCFR SLGSPP 116

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 409

50

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren



:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

5 YYIHLLIINFL LRLCRLGIFK IKEKIWPLLK VCACQNFKKI PHVKVPSASA GDSVLVLLSS 60  
ARASRRSQSR SCALLDRRGG SSAALGGAPG PERGSGGSRT GSPSTPAPVA EPPQA 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 407

10 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

25 QEPALALDAG WENMGYLLRL PEDLLMLLLT SEKIRKISLI CLLVEQLHPM PSLATSHLLD 60  
AGLPLVFRGQ LLCMTASPPR CLLHLLILHS PDYKFPSQTL 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 408

30 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

45 TVLHSHLPSS CLPCLSTHSV KEPRGATSPR LCFPTACGMG VSSATAGLRC FHQPCRHLVL 60  
HEEQTLRGWS GMGRSPLGGQ ALVPSRFPSL APGVHTAQSA PGGWKPPCFR SLGSPP 116

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 409

50

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

15

```
SPDERCSIRT SPPRACPASP RTVLRSEQEE LRPDFVSPPP AAWVCPVPPL ASAASISLVA 60
TWSFMKSRHL EAGREWGGRP WEGRRWFQAG SRPWRLECTQ PSRHLVAGSH PALDHSGPHL120
RRVPALDQSR GH 132
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 410

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

```
WKQRRPAVAL DTPMPQAVGK QSLGEVAPLG SLTLCVERQG RHEEGRCEWS TVHPGISQPE 60
SPPSLAAPEH SLWPTATEMS ACQDTWRRKK TRHQKKLPPQ EQIELLDQGH TRSGRHPAPC120
AQGKETQFNV WLLCSRETAT LP 142
```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 411

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

15

```
SPDERCSIRT SPPRACPASP RTVLRSEQEE LRPDFVSPPP AAWVCPVPPL ASAASISLVA 60
TWSFMKSRHL EAGREWGGRP WEGRRWFQAG SRPWRLECTQ PSRHLVAGSH PALDHSGPHL120
RRVPALDQSR GH 132
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 410

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

```
WKQRRPAVAL DTPMPQAVGK QSLGEVAPLG SLTLCVERQG RHEEGRCEWS TVHPGISQPE 60
SPPSLAAPEH SLWPTATEMS ACQDTWRRKK TRHQKKLPPQ EQIELLDQGH TRSGRHPAPC120
AQGKETQFNV WLLCSRETAT LP 142
```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 411

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

10 KRRGVRQFRW LVCTRRASPG AARSAPIAPA TGSGRRPNMD SAGQDINLNS PNKGLLSDSM 60  
TDVPVDTGVA ARTPAVEGLT EAEELRAE LTKVEEIVT LRQVLAAKER HCGELKRRLG120  
LSTLGELKQN LSRSWHDVQV SSAYVKTSEK LGWNEKVTQ SDLYKKTQET LSQAGQKTS180  
ALSTVGSAIS RKLGDMRNSA TFKSFEDRVG TIKSKVVGDR ENGSDNLPSS AGSGDKPLSD240  
PAPF 244

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 412

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

35 LGHFLIPLSK FLRSFHIGAR DLHVMPAPGQ VLFQLPQGGE AQPPLELSTV PLLGCQDLAQ 60  
SDNFLFHLGK LSPDLLLSL CQTLNSRSPG SHTCVDRNIR HGVRQQTFFVR RIQVDILAGG120  
VHVRAASGPC RGRYGSRAGG AGRSSPRTH 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 413

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

10 KRRGVRQFRW LVCTRRASPG AARSAPIAPA TGSGRRPNMD SAGQDINLNS PNKGLLSDSM 60  
TDVPVDTGVA ARTPAVEGLT EAEEEEELRAE LTKVEEEIVT LRQVLAAKER HCGELKRRLG120  
LSTLGELKQN LSRSWHDVQV SSAYVKTSEK LGEWNEKVTQ SDLYKKTQET LSQAGQKTS180  
ALSTVGSAIS RKLGDMRNSA TFKSFEDRVG TIKSKVVGDR ENGSDNLPSS AGSGDKPLSD240  
PAPF 244

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 412

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

35 LGHFLIPLSK FLRSFHIGAR DLHVMPAPGQ VLFQLPQGGE AQPPELSTV PLLGCQDLAQ 60  
SDNFLFHLGK LSPDLLLSL CQTLNSRSPG SHTCVDRNIR HGVRQQTfVR RIQVDILAGG120  
VHVRAASGPC RGRYGRAGG AGRSSPRTH 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 413

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

5 ALETCTSCQL LDRFCFSSPR VERPSLLLSS PQCLSLAART WRRVTISSST LVSSALSSSS 60  
SASVRPSTAG VRAATPVSTG TSMESDSRP LLGEFRLISW PAESMFGRPP DPVAGAMGAE120  
RAAPGEARRV HTSQRNCLTP RRF 143

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 414

10 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

25 RGRGALWWAA KELRRTKKLS DYVGKNEKTK IIAKIQORGQ GAPAREPIIS SEEQKQLMLY 60  
YHRRQEELKR LEENDDDAYL NSPWADNTAL KRHFHGVKDI KWRPR 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 415

30 (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

45 AAELRDCGSR RISRSPSSNS HLSPRISLSG NLGPQTSRLG GPPSPSATWS VFWQLPRQQS 60  
LPGRGSANLL PSVRSESAVL SDCVGGFPGR SSVRAWIAGP RCTPASPTRV LSLSWRLFNS120  
ASLLLLATST SGSECRFP RS PRARERGIPD CERLLVRRSC WRSGDPRPAG PAGHAAGAFS180  
50 TPQYLGGTAM VLLHVKRGDE SQFLQAPGS TELEELTVQV ARVYNGRLKV QRLCSEMEEL240  
AEHGIFLPPN MQGLTDDQIE ELKLDWEWE KCVPSGGAVF KKDDIGRRNG QAPNEKMKQV300  
LKKTIEEAKA IISKQVEAG VCVTMEMVKD ALDQLRGAVM IVYPMGLPPY DPIMEFENK360  
EDLSGTQAGL NVIKEAEHC GGQPRS 386

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

5 ALETCTSCQL LDRFCFSSPR VERPSLLLSS PQCLSLAART WRRVTISSST LVSSALSSSS 60  
 SASVRPSTAG VRAATPVSTG TSVMESDSRP LLGEFRLISW PAESMFGRRP DPVAGAMGAE120  
 RAAPGEARRV HTSQRNCLTP RRF 143

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 414

10 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

25 RGRGALWWAA KELRRTKKLS DYVGKNEKTK IIAKIQQRGQ GAPAREPIIS SEEQKQLMLY 60  
 YHRRQEELKR LEENDDDAYL NSPWADNTAL KRHFHGVKDI KWRPR 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 415

30 (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

45 AAELRDCGSR RISRSPSSNS HLSPRISLSG NLGPQTSRLG GPPSPSATWS VFWQLPRQQS 60  
 LPGRGSANLL PSVRSESAVL SDCVGGFPGR SSVRAWIAGP RCTPASPTRV LSLSWRLFNS120  
 ASLLLLLATST SGSECRFPFRS PRARERGIPD CERLLVRRSC WRSGDPRPAG PAGHAAGAFS180  
 TPQYLGGTAM VLLHVKGDE SQFLAQPGS TELEELTVQV ARVYNGRLKV QRLCSEMEEL240  
 50 AEHGIFLPPN MQGLTDDQIE ELKLKDEWGE KCVPSGGAVF KKDDIGRRNG QAPNEKMKQV300  
 LKKTIEEAKA IISKQVEAG VCVTMMVKD ALDQLRGAVM IVYPMGLPPY DPIRMEFENK360  
 EDLSGTQAGL NVIKEAEHC GGQPRS 386

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 416

- 5 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

20 GVEKAPAAWP AGPAGRGSPD RQQLRRTNSR SQSGIPRSLA RGERGKRHSL PEVDVAKSNS 60  
 EAELKSRQLK LRTRVGEAGV HRGPAIQART ELRPGKPPTQ SERTADSERT DGRRFADPLP120  
 GSDCCRGNCQ NTDQVAEGEG GPPNRLVWGP RFFLREIRGL RWELLDGERE IRREPQSRSS180  
 AA 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 417

- 25 (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 :

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELDNR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60  
 GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKRLLLLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL120  
 IMKGTEMC PK SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR180  
 45 VLRKALEHVP NSVRLWKA AV ELEPEDARI MLSSRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK240  
 VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE300  
 ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP360  
 SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL420  
 ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RRLAKARTV PPPPGCS 467  
 50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 418



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 416

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GVEKAPAAWP AGPAGRGSPD RQQLRRSNSR SQSGIPRSLA RGERGKRHSL PEVDVAKSNS 60  
EAELKSRQLK LRTRVGEAGV HRGPAIQART ELRPGKPPTQ SERTADSERT DGRRFADPLP120  
GSDCCRGNCQ NTDQVAEGEG GPPNRLVWGP RFPLREIRGL RWELLDGERE IRREPQSRSS180  
AA 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 417

- (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELDNR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60  
GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKRLLLLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL120  
IMKGTEMCPC SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR180  
VLRKALEHVP NSVRLWKAAY ELEEPEDARI MLSRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK240  
VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE300  
ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP360  
SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL420  
ALAFQANPNS EEIWLAAYKL ESENDEYERA RRLAKARTV PPPPGCS 467

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 418

- (A) LÄNGE: 352 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

```

TPGRWGHCPR LGQQPPGPLV LIILGLQLHG CQPDLLTVGV GLEGQQQDAP CCRHIPCQPL 60
GLGAHEPQHL CFGAVGHSPL QECFQGLPSA MVLLVVRGAQ PHTLLAGEHL QGVGVDSCT120
LQGIVGYTTV SILHPGMLPI FLLNPNPNHG THDGLAGGHT PSPVTFLGIL DPLLTVDLHT180
VGPQRGDGVS DDLLHHLRVP IGFLQLSSRD PDMSVCRNVL PRLVQDLGI FIGLQPCQSK240
PELHAGGAAL HSSAQHDSSI FRFFQLNGCF PQANRVWNML EGFPKNPLLC TNVRFQLCGS300
DVNPDLWEM TDSLGYHGLG CVPRLQPGCF QPDIFTLGAH LRPLHDKVPS YL 352
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 419

- (A) LÄNGE: 424 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

```

PPGAPFFLFF FFLTRDIKTF NEGGSSEPF HMRPNPAPRR PAMATAQSEG VLDAAGHQPK 60
DVPDLLLLPVG DVLGHGAPQL PMPRLCTLTA LPHLLLLLS AMLQLKLVEE GPGIPQVRVN120
LHSAVEPLPG LGDLPLTPKQ LGHGQEHMGV MLTLLQGIHA LGPPLGPCLE EDGLRPQDTG180
VGALLQRLGH ECICDVLQPR TVLQPHGLQP QPRVLWVLQT RLFQNGPCSS KLPNLLLQPR240
EQKPQCGGVG TLLQPLVIGF PRLHHLHLL LDLPPLHHPQL GEVLIVPQGL LAQILGCPDV300
VLHPLQLHRL HEHPGGGGTV RALASSLRAR SYSSFDSSF TAASQISSLL GLAWKARARM360
LLAAGTSPAS HLDLAPMSHS TSALGQWATA LCRSASRDSR VPWFFSKYAA RSHTLFLGN420
TCRA 424
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 420

- (A) LÄNGE: 352 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

TPGRWGHCPRL LGQQPPGPLV LIILGLQLHG CQPDLLTVGV GLEGQQQDAP CCRHIPCQPL 60  
 GLGAHEPQHL CFGAVGHSP L QECFQGLPSA MVLLEVRGAQ PHTLLAGEHL QGVGVQDGSCT120  
 LQGIVGYTTV SILHPGMLPI FLLNPNPNHG THDGLAGGHT PSPVTFLGIL DPLLTVDLHT180  
 VGPQRGDGSV DDLHHLRVP IGFLQLSSRD PDMSVCRNVL PRLVQDLGI FIGLQPCQSK240  
 PELHAGGAAL HSSAQHDSSI FRFFQLNGCF PQANRVWNML EGFPKNPLLC TNVRFQLCGS300  
 DVNPDRLWEM TDSLGYHGLG CVPRLQPGCF QPDIFTLGAH LRPLHDKVPS YL 352

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 419

- (A) LÄNGE: 424 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

PPGAPFFLFF FFLTRDIKTF NEGGHSSEPF HMRPNPAPRR PAMATAQSEG VLDAAGHQPK 60  
 DVPDLLLLPVG DVLGHGAPQL PMPRLCTLTA LPHLLLLLLS AMLQLKLVEE GPGIPQVRVN120  
 LHSAVEPLPG LGDLPLTPKQ LGHGQEHMGV MLTLLQGIHA LGPPLGPCLE EDGLRPQDTG180  
 VGALLQRLGH ECICDVLQPR TVLQPHGLQP QPRVLWVLQT RLFQNGPCSS KLPNLLLQPR240  
 EQKPQCGGVG TLLQPLVIGF PRLHHLLLL LDLPLHHPQL GEVLIVPQGL LAQILGCPDV300  
 VLHPLQLHRL HEHPGGGGTV RALASSLRAR SYSSFSOSSF TAASQISSLL GLAWKARARM360  
 LLAAGTSPAS HLDLAPMSHS TSALGQWATA LCRSASRDSR VPWFFSKYAA RSHTLFLLG420  
 TCRA 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 420

- 5 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH:

- 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

GRTLPRGGGT VVVGHGLEG WWAALSGSGF PAVGFLFWLL RLVIYFLSLLP VTPGAPEYRL 60  
FSPWAVSLSC FLTLLPGLLC VHLRLAWSKQ VRPLLYSLV LFWHLVKLA 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 421

- 25 (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

40 VSPSSSAAG TLFQGLCGAP DAPHPLSKIP GGRGGGRDPS LSALIYKDEK LTVTQDLVPN 60  
DGKPHIVHFQ YEVTEVKVSS WDAVLSSQSL FVEIPDGLLA DGSKEGLLAL LEFAEEKMKV120  
NYVFICFRKG REDRAPLLKT FSFLGFEIVR PGHPCVPSRP DVMFMVYPLD QNLSDED 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 422

- 45 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 5 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

GRTLPRGGGT VVVQGHGLEG WWAALSGSGF PAVGFLFWLL RLVIYFLSLLP VTPGAPEYRL 60  
FSPWAVSLSC FTLLPGLLC VHLRLAWSKQ VRPLLLYSLV LFWHLVKLA 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 421

- 25 (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

40 VSVPSSSAAG TLFQGLCGAP DAPHPLSKIP GGRGGGRDPS LSALIYKDEK LTVTQDLVPN 60  
DGKPHIVHFQ YEVEVKVSS WDAVLSSQSL FVEIPDGLLA DGSKEGLLAL LEFAEEKMKV120  
NYVFICFRKG REDRAPLLKT FSFLGFEIVR PGHPCVPSRP DVMFMVYPLD QNLSDED 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 422

- 45 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

10 ASRPYILELR EKDPCRPLAH RGSSTVGE GH QEHRGPGTM CLQHW SWGHL LNGKILLSWV 60  
FIILGSSAQG GRRRRGEWVG GRVGGCGVAR AGRSLWAKSL SGRGRVPSSC LSER 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 426

15 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
: (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

PFCS SLAKLQ GIWGMWDLQF PAPASALSQV LTPAPASAPA PGRAPAPAAA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 427

35 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
: (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

EDKMRPGLSF LLALLEFLGQ AAGDLGDVGP PIPSPGFSSF PGVDSSSSFS SSSRSGSSSS 60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

10 ASRPYILELR EKDPCRPLAH RGSSTVGEH QEHRGPGTM CLQHSWGHL LNGKILLSWV 60  
FIILGGSAGG GRRRRGEWVG GRVGGCGVAR AGRSLWAKSL SGRGRVPSSC LSER 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 426

15 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

30 PFCSSLAKLQ GIWGMWDLQF PAPASALSQV LTPAPASAPA PGRAPAPAAA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 427

35 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

50 EDKMRPGLSF LLALLFFLGQ AAGDLGDVGP PIPSPGFSSF PGVDSSSSFS SSSRSGSSSS 60

RSLGSGGSVS QLFSNETGSV DDRGTCQCSV SLPDNNFPVD RVERWNSQLI VISQ

114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 428

5

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

EITMSCEFQR STLSTGKLLS GRETEHWQVP RSSTEPVKLE NNWDTEPPLP KLRLELEPDL 60  
ELELKLELES TPGKELKPGI GIGGPTSPKS PAAWPRKNRR ARRNERPGLI LSS 113

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 429

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

AAAGAGARPG AGAEAGAGVN TWERAEGAG NWRSHIPQIP CSLAKEEQKG

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 430

- (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50



RSLGSGGSVS QLFSNFTGSV DDRGTCQCSV SLPDNNFPVD RVERWNSQLI VISQ

114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 428

5

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

EITMSCEFQR STLSTGKLLS GRETEHWQVP RSSTEPVKLE NNWDTEPPLP KLRLELEPDL 60  
ELELKLELES TPGKELKPGL GIGGPTSPKS PAAWPRKNRR ARRNERPGLI LSS 113

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 429

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

AAAGAGARPG AGAEAGAGVN TWERAEGAG NWRSHIPQIP CSLAKEEQKG

50

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 430

- (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

QTQKVVTSP RITLHWLLPC AAHPPDLHKK QENSGCAPA TAHSAPPGRS PPELRAGLQR 60  
LARAVLPVSR FSAPQPPAAS FSGPRVAPSE ESGPGTSSNS GRLALPRLRS LCPLGVARPR120  
CCRALARCCC SSSPRTAAWA RRAGSSSLAS PTSPTS AELQ AHFGQPAAPV RHRIPEHAAA180  
15 QPAGPRDHEG GAGAGRRLDP AGHEAVPPGH QEVPVLALRP RLPR 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 431

(A) LÄNGE: 408 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

35 PALLGLPFIG SSLAPPTLQI CIKKAKKTLA VPQORLILLP RVGAPRSCAR ACSASPALSS 60  
RCPASPRPSR RLPAPFRGPES HPAKRAGPGQ ARTPAASPPF GSAPSAPSGS RAHDAAGPWL120  
AAAALPRLAL LPGLGARALP LWPARRLLQA QNCKPIPANL QLCHGIEYQN MRLPNLLGHE180  
TMKEVLEQAG AWIPLVMKQC HPDTKKFLCS LFAPVCLDDL DETIQPCHSL CVQVKDRCAP240  
VMSAFGFPWP DMLECDRFPQ DNDLCIPLAS SDHLLPATEE APKVCEACKN KNDDDDNDIME300  
40 TLCKNDFALK IKVKEITYIN RDTKIILETK SKTIYKLNGV SERDLKKSVL WLKDSLQCTC360  
EEMNDINAPY LVMGQKQGGE LVITSVKRWQ KGQREFKRIS RSIRKLQC 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 432

(A) LÄNGE: 323 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

QTQKVVTSP RITLHWLLPC AAHPPDLHKK GQENSGCAPA TAHSAPPGRS PPELRAGLQR 60  
LARAVLPVSR FSAPQPPAAS FSGPRVAPSE ESGPGTSSNS GRLALPRLRS LCPLGVARPR120  
CCRALARCCC SSSPRTAAWA RRAGSSSLAS PTSPTSAELQ AHPGQPAAVP RHRIPEHAAA180  
15 QPAGPRDHEG GAGAGRRLDP AGHEAVPPGH QEVPVLALRP RLPR 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 431

20 (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

35 PALLGLPFIG SSLAPPTLQI CIKKAKKTLA VPQQRLLLP RVGAPRSCAR ACSASPALSS 60  
RCPASPRPSR RLPAFRGPES HPAKRAGPGQ ARTPAASFPF GSAPSAPSGS RAHDAAGPWL120  
AAAALPRLAL LPGLGARALP LWPARLLLQA QNCKPIPANL QLCHGIEYQN MRLPNLLGHE180  
TMKEVLEQAG AWIPLVMKQC HPDTKKFLCS LFAPVCLDDL DETIQPCHSL CVQVKDRCAP240  
VMSAFGFPWP DMLECDRFPQ DNDLCIPLAS SDHLLPATEE APKVCEACKN KNDDNDIME300  
40 TLCKNDFALK IKVKEITYIN RDTKIILETK SKTIYKLNQV SERDLKKSVL WLKDSLQCTC360  
EEMNDINAPY LVMGQKQGGE LVITSVKRWQ KGQREFKRIS RSIRKLQC 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 432

45 (A) LÄNGE: 323 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

10 VISFTFIFSA KSFLQSVSIM SLSSSFLFLQ ASHTFGASSV AGRRWSLLAR GMQRSLSWGK 60  
RSHSSMSGQG KPKADMTGAQ RSFTCTQSEW HGWMVSSRSS RQTGAKSEHR NFLVSGWHCF120  
MTSGIQAPAC SSTSFMVSWP SRLGSRMFY SMPWHSCRLA GMGLQFCACR RSRAGQRGRA180  
RAPSPGSSAR RGRAAAASQG PAASWARDPE GAEGAEPGKG EAAGVRACPG PALFAGCDG240  
PRKAGSRRLG RGEAGHREDS AGEALQARAQ LRGAPTRGSR MSRCWGTARV FLAFFMQIWR300  
VGGAREEPMK GNPRRAGHYF LGL 323

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 433

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

35 RGRTWELFLA GRRVLVTGAG KGIGRGTVQA LHATGARVVA VSRTQADLDS LVRECPGIEP 60  
VCVDLGDWEA TERALGSVGP VDLRGDCADM ELFLAGRRVL VTGAGKGIGR GTVQALHATG120  
ARVVAVSRTQ ADLDSLVREC PGIEPVCVDL GDWEATERAL GSVGPVDLLV NNAAVALLQP180  
FLEVTKAEFD RSFEVNLRAV IQVSQIVARG LIARGVPGAI VNVSSQCSQR AVTNHSVYCS240  
TKGALDMLTK VMALELGPHK IRVNAVNPVT VMTSMGQATW SDPHKAKTML NRIPLGKFAE300  
VEHVVNAILF LLSDRSGMTT GSTLPVEGGF WAC 333

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 434

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

10 VISFTFIFSA KSFLQSVSIM SLSSSFLFLQ ASHTFGASSV AGRRWSLLAR GMQRSLSWGK 60  
RSHSSMSGQG KPKADMTGAQ RSFTCTQSEW HGWMVSSRSS RQTGAKSEHR NFLVSGWHCF120  
MTSGIQAPAC SSTSEFMVSWP SRLGSRMFY SMPWHSCRLA GMGLQFCACR RSRAGQRGRA180  
RAPSPGSSAR RGRAAAASQG PAASWARDPE GAEGAEPGKG EAAGVRACPG PALFAGCDSDG240  
PRKAGSRRLG RGEAGHREDS AGEALQARAQ LRGAPTRGSR MSRCWGTARV FLAFFMQIWR300  
VGGAREEPMK GNPRRAGHYF LGL 323

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 433

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

35 RGRTWELFLA GRRVLVTGAG KGIGRGTVQA LHATGARVVA VSRTQADLDS LVRECPGIEP 60  
VCVDLGDWEA TERALGSVGP VDLRGDCADM ELFLAGRRVL VTGAGKGIGR GTVQALHATG120  
ARVVAVSRTQ ADLDSLIREC PGIEPVCVDL GDWEATERAL GSVGPVDLLV NNAAVALLQP180  
FLEVTKAEFD RSFEVNLRAV IQVSQIVARG LIARGVPGAI VNVSSQCSQR AVTNHVSVC240  
TKGALDMLTK VMALELGPHK IRVNAVNPVT VMTSMGQATW SDPHKAKTML NRIPLGKFAE300  
VEHVVNAILF LLSDRSGMTT GSTLPVEGGF WAC 333

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 434

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

5

APGHNLRHLD DRTQVHLKGS VKGLLGDLQE GLQQGDSGVV HQQVHGAHAA QRPLGGLPVT 60  
QVHAHGIFYPR ALADKAVKIR LSPAHHHPH ARRQRLDRA APYTFACPGD QHPAAREEQL120  
HVGAVSAQVH GAHAAQRPLG GLPVTQVHAH GFYPRALADK AVKIRLSPAH SHHPRARRVQ180  
RLDRAAPYTF ACPGDQHPAA REEQLPCSPT 210

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 435

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

30

FFFFFFFFFL GSRIRFIGGI GGRMSTAWGL RCVEGAQQAQ KPPSTGKVEP VVMPLRSLSR 60  
KRMAFTTCST SANLPSGIRF SIVLALWGSL QVAWPMDEVIT TVGFTAFTRI LWGPSSRAIT120  
LVSMRSLPLV EQ 132

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 436

35

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

50

KAKSWVPSDF RFQELPENTR SQRVIFWSLF CRDSWEYGHF APRCGNESSR SGAAALADVQ60  
LAAPVSNQLH PDGVEDRGVG GLLPELHHAH PYLV 94

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

5

APGHNLRHLD DRTQVHLKGS VKGLLGDLQE GLQQGDSGVV HQQVHGAHAA QRPLGGLPVT 60  
 QVHAHGFYPR ALADKAVKIR LSPAHHHP ARRQRLDRA APYTFACPGD QHPAAREEQL120  
 HVGAVSAQVH GAHAAQRPLG GLPVTQVHAH GFYPRALADK AVKIRLSPAHHHPARRVQ180  
 RLDRAAPYTF ACPGDQHPAA REEQLPCSPT 210

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 435

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

30

FFFFFFFFFL GSRIRFIGGI GGRMSTAWGL RCVEGAQQAQ KPPSTGKVEP VVMPLRSLSR 60  
 KRMAFTTCST SANLPSGIRF SIVLALWGSL QVAWPMDVIT TVGFTAFTRI LWGPSSRAIT120  
 LVMSRAPLV EQ 132

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 436

35

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

50

KAKSWVPSDF RFQELPENTR SQRVIEWSLF CRDSWEYGHP APRCGNESSR SGEAALADVQ60  
 LAAPVSNQLH PDGVEDRGVG GLLPELHHAE PYLV 94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 437

- 5 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

20 FSGVCFAGIA GSMATLLHDA VMNPAEVVKQ RLQMYNSQHR SAISCIRTVW RTEGLGAFYR60  
SYTTPSPISC 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 438

- 25 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

40 KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60  
LRSGVLRKFL EPKIRRNPL SFLRSKMYQ SAQVSTDS 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 439

- 45 (A) LÄNGE: 270 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear  
50



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 437

- 5 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

20 FSGVCFAGIA GSMATLLHDA VMNPAEVVKQ RLQMYNSQHR SAISCIRTVW RTEGLGAFYR60  
SYTTPSPISC 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 438

- 25 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

40 KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60  
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYIQ SAQVSTDS 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 439

- 45 (A) LÄNGE: 270 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

RSVVRRLKLM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120  
15 QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180  
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALS VSI240  
QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GFRAQGLTLF 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 440

20

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

RWRRRLSSR SRSRWAATPK VLTWVPMKP SWLSRTEFSK RLLCRTLWCQ SGWSSRSYTR 60  
SMLKMTTSIN RRSRTSTKST RTSARPGTLA TVSIGLSDSP TWRHCWMTAR SCSGSRCLP120  
RARKTWCPRALNSQLRIST TRSWT 145

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 441

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

RSVVRRCLKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120  
15 QRFKAVSAKS KEDLVSQGT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180  
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240  
QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GFRAQGLTLF 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 440

20 (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

RWRRRNLSR SRSRWAATPK VLTWVPMKP SWLSRTEFSK RLLCRTLWCQ SGWSSRSYTR 60  
SMLKMTTSIN RRSRTSTKST RTSARPLTA TVSIGLSDSP TWRHCWMTAR SCSGSRCLCLP120  
RARKTWCPR SLNSQLRIST TRSWT 145

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 441

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

IAPSRKQ GK TLGSEALRED VRIGGAALAA VHVHLHDGHA EGLGQRNDVD VVALLAHGLH 60  
LLLAELLDSP STLDEVLEEL ALALQVARGE QPQVDHKVVG GALVIEGGQQ VGDRGLLLHL120  
LNQVHERVVE ILNCEFSEAL GHQVFLALGR HSLEPLQLLA VIQQCLQVGE SESPIETVAV180  
10 RPLADVRVL FVEVLDLLLI DVVIFSILLV 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 442

(A) LÄNGE: 322 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

NSERGRLOAM MTHLHVKSTE PKAAPQPLNL VSSVTLSKSA SEASPQSLPH TPTTPTAPLT 60  
30 PVTQGPSVIT TTSMHTVGPI RRRYSDKYNV PISSADIAQN QEFYKNAEVR PPFTYASLIR120  
QAILESPEKQ LTLNEIYNWF TRMFAYFRRN AATWKNVVRH NLSLHKCFVR VENVKGAVWT180  
VDEVEFQKRR PQKISGNPSL IKNMQSSHAY CTPLNAALQA SMAENSIPLY TTASMGNPTL240  
GNLASAIREE LNGAMEHTNS NESDSSPGRS PMQAVHPVHV KEEPLDPPEA EGPLSLVTTA300  
35 NHSPDFDHDR DYEDEPVNED ME 322

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 443

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

IAPSRKQKQK TLGSEALRED VRIGGAALAA VHVHLHDGHA EGLGQRNDVD VVALLAHGLH 60  
 LLLAEELDSP STLDEVLEEL ALALQVARGE QPQVDHKVVG GALVIEGGQQ VGDRGLLLHL120  
 LNQVHERVVE ILNCFEAL GHQVFLALGR HSLEPLQLLA VIQQCLQVGE SESPIETVAV180  
 10 RPGLADVRVL FVEVLDLLI DVVIFSILLV 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 442

(A) LÄNGE: 322 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 15 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

NSERGRLOAM MTHLHVKSTE PKAAPQPLNL VSSVTLSKSA SEASPQSLPH TPTTPTAPLT 60  
 30 PVTQGPSVIT TTSMHTVGPI RRRYSDKYNV PISSADIAQN QEFYKNAEVR PPFTYASLIR120  
 QAILESPEKQ LTLNEIYNWF TRMFAYFRN AATWKNVRH NLSLHKCFVR VENVKGAVWT180  
 VDEVEFQKRR PQKISGNPSL IKNMQSSHAY CTPLNAALQA SMAENSIPLY TTASMGNPTL240  
 GNLASAIREE LNGAMEHTNS NESDSSPGRS PMQAVHPVHV KEEPLDPEEA EGPLSLVTTA300  
 35 NHSPDFDHR DYEDPEVNED ME 322

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 443

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 40 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

FGTRAPASHD DPPACEVYRT QSCPSAPESG IKCHPLQVRI GGFSTELTSY SNDPNRPPDS 60  
RHPRPLCHHN HQHAHGGTHP QAVLRQIQRA HFVSRYCAEP RIL 103

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 444

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

SLSWKSGLW LAVVTKDRGP SASSGSRGSS LTCTGCTACI GDLPGLLSLS LLLVCSIAPF 60  
SSSRIALAKL PRVGFPMEAV VYRGILFSAI EACKAALRGV Q 101

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 445

- (A) LÄNGE: 539 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

LDVQVKDDSR ALTLGALTLP LARLLTAPEL ILDQWFQLSS SGPNSRLYMK LVMRILYLD 60  
SEICFPTVPG CPGAWDVDSE NPQRGSSVDA PPRPCHTTPD SQFGTEHVLR IHVLEAQDLI120  
AKDRFLGGLV KGKSDPYVKL KLAGRSFRSH VVREDLNPRW NEVFEVIVTS VPGQELEVEV180  
FDKDLDDKDF LGRCKVRLTT VLNSGFLEDEW LTLEDVPSGR LHLRLERLTP RPTAAELEEV240  
LQVNSLIQTQ KSAELAAALL SIYMERAE DL PLRKGTKHLS PYATLTVGDS SHKTKTISQT300  
SAPVWDESAS FLIRKPHTES LELQVRGEGT GVLGSLSLPL SELLVADQLC LDRWFTLSSG360  
QGQVLLRAQL GILVSQHSV EAHSHSYSHS SSSLSEEP EL SGGPPHITSS APELRQRLTH420  
VDSPLEAPAG PLGQVKLT LW YYSEERKLVS IVHGCRSLRQ NGRDPPDPYV SLLLLPDKNR480  
GTRRRTSQKK RTLSPEFNER FEWELPLDEA QRRKLDVSVK SNSSFMSRER DCWGRCSWT 539

50

FGTRAPASHD DPPACEVYRT QSCPSAPESG IKCHPLQVRI GGFSTELTSY SNDPNRPPDS 60  
 RHRPLCHHN HQHAHGGTHP QAVLRQIQRA HFVSRYCAEP RIL 103

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 444

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

SLSWKSGLW LAVVTKDRGP SASSGSRGSS LTCTGCTACI GDLPGLLSLS LLLVCSIAPF 60  
 SSSRIALAKL PRVGFPMEAV VYRGILFSAI EACKAALRGV Q 101

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 445

(A) LÄNGE: 539 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

LDVQVKDDSR ALTLGALTLP LARLLTAPEL ILDQWFQLSS SGPNSRLYMK LVMRILYLD 60  
 SEICFPTVPG CPGAWDVDSE NPQRGSSVDA PPRPCHTTPD SQFGTEHVLR IHVLEAQDLI120  
 AKDRFLGGLV KGKSDPYVKL KLAGRSFRSH VVREDLNPRW NEVFEEIVTS VPGQELEV180  
 FDKDLKDDF LGRCKVRLTT VLNSGFLEDEW LTLEDVPSGR LHLRLERLTP RPTAAELEEV240  
 LQVNSLIQTQ KSAELAAALL SIYMERAE DL PLRKGTKHLS PYATLTVGDS SHKTKTISQT300  
 SAPVWDESAS FLIRKPHTES LELQVRGEGT GVLGSLSLPL SELLVADQLC LDRWFTLSSG360  
 50 QGQVLLRAQL GILVSQHSGV EAHSHSYSHS SSSLSEEP EL SGGPPHITSS APELRQRLTH420  
 VDSPLEAPAG PLGQVKLTW YYSEERKLVS IVHGCRSLRQ NGRDPPDPYV SLLLLPDKNR480  
 GTKRRTSQKK RTLSPEFNER FEWELPLDEA QRRKLDVSVK SNSSFMSRER DCWGRC SWT 539

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 446

- 5 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

20 LLCLPAFVSL HHRLNVMSLK LGSKGRACAL QPFHLTGPYS GLCLTKEKNR MFPLLHGLYP60  
SGPLGRGP EL AVSCFACTLF SLPPNSSGPS VSVPGQWQH 99

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 447

- 25 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

40 VWIKLFTCST SSNSAAVGRG VRRSRRKCRR PDGTSSRVSH SSRKPLFKTV VRRTLHLPRK 60  
SSLSKSLSKT STSSSWPGTD VTITSKTSFQ RGLRSSRTTW LRKL RPANFS LT 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 451

- 45 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 446

- 5 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

20 LLCLPAFVSL HHRLNVMSLK LGSKGRACAL QPFHLTGPYS GLCLTKEKNR MFPLLHGLYP60  
SGPLGRGP EL AVSCFACTLF SLPPNSSGPS VSVPGQWQH 99

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 447

- 25 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

40 VWIKLFTCST SSNSAAVGRG VRRSRRKCRP PDGTSSRVSH SSRKPLFKTV VRTLHLPRK 60  
SSLKSLSKT STSSWPGETD VTITSKTSFQ RGLRSSRTTW LRKLRPANFS LT 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 451

- 45 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

FFFFFVETGF RHVDETGLEL LASSDLPPQL LKVLGLYRHE PLSLALKRFS QRPSVR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 452

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

IRFGISCPGP GISLQEPLPL CWRHSFRIRR RREKRKCKGG RSFPGRITISV THMDPR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 453

35 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:  
FFFFFVETGF RHVDETGLEL LASSDLPPQL LKVLGLYRHE PLSLALKRFS QRPSVR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 452

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:  
IRFGISCPGP GISLQEPLPL CWRHSFRIRR RREKRKCKGG RSFPGRITISV THMDPR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 453

35 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

VTEMVRPGKD LPPLHFLFSL LLLILKLCLQ QRGSGSCREI PGPGQEMP NL IYLTEGL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 454

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

20 ILAFWRAAPL WHHQTLLCFP STWNSSNIRG CEGLAILLSW VHVSDRNGAA WERSPSFTFS60  
LLPPPPYSKT VPPTGQGLL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 455

- 25 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

ARLPLLAED RGQPGSVKDP KMAGRKLALK TIDWVAF AEI IPQNQKAIAS SLKSWNETLT 60  
SRLAALPENP PAIDWAYYKA NVAKAGLVDD FEKKFNALKV PVPEDKYTAQ VDAEEKEDVK120  
SCAEWVSLSK ARIVEYEKEM EKMKNLIPFD QMTIEDLNEA FPETKLDKKK YPYWPHQPIE180  
45 NL 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 456

- 50 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

VTEMVRPGKD LPPLHFLFSL LLLILKLCLQ QRGRGSCREI PGPGQEMPNI IYLTEGL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 454

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

20

ILAFWRAAPL WHHQTLLCFP STWNSSNIRG CEGLAILLSW VHVSDRNGAA WERSPSFTFS60  
LLPPPPYSKT VPPTGQGLL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 455

25

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

40

ARLPLLAED RGQPGSVKDP KMAGRKLALK TIDWVAF AEI IPQNQKAIAS SLKSWNETLT 60  
SRLAALPENP PAIDWAYYKA NVAKAGLVDD FEKKFNALKV PVPEDKYTAQ VDAEEKEDVK120  
SCAEWVSLSK ARIVEYEKEM EKMKNLIPFD QMTIEDLNEA FPETKLDKKK YPYWPHQPIE180  
45 NL 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 456

- 50 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

15 AQSAGGFSG KAALEVRVS FQDFRELAMA FWFWMISAK ATQSMVFRAS FRPAILGSFT60  
DPGCPRSSAA SNGSRA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 457

20 (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

35 CPECVIQGPE LPPGLNFINS QLVGEANRDT FSCLIWFLGK LHSSPQWSSD QMELSSSSSP 60  
SLSHILQSWP LRETPTQHKI SHLLFLRHPP GQYIYPLARE PSAH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 458

40 (A) LÄNGE: 223 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

15 AQSIAGGFSG KAALEVRVS FQDFRELAMA FWFWMISAK ATQSMVFRAS FRPAILGSFT60  
DPGCPRSSAA SNGSRA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 457

20 (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

35 CPECVIQGPE LPPGLNFINS QLVGEANRDT FSCLIWFLGK LHSSPQWSSD QMELSSSSSP 60  
SLSHILQSWP LRETPTQHKI SHLLFLRHPP GQYIYPLARE PSAH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 458

40 (A) LÄNGE: 223 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

5 RGAGGHQGES GRPEGWPPPF LHPRGRFQVP WLESVLIVVS NNIDEEALAR LAQEGSEVNV 60  
IGIGTSVVTG PQQPSLGGVY KLVAVGGQPR MKLTEDPEKQ TLPGSKAAFR LLGSDGSPLM120  
DMLQLAEEPV PQAGQELRVW PPGAQEPCTV RPAQVEPLLR LCLQQGQLCE PLPSLAESRA180  
LAQLSLSRLS PEHRLRSPA QYQVVLSERL QALVNSLCAG QSP 223

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 459

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

30 VIRVVSSQPR SESQGDCPAH RLFTRACSLD DSTTWYCAGL RSRLCSGLSR LRDSWAKALD 60  
SARDGSGSHS CPCWRQSRSS GSTWAGLTVQ GSWAPGGHTL SSCPACGTGS SANCSMSMSG120  
DPSEPRSRKA ALLPGNVCFD GSSVSFIRGW PPTATSL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 460

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

50 PPLFPHLLFL WGKVSDDCCF QSAPLRVSGG LPRTQTVHQG LQPLGQHHLV LCRAPQPPVL60  
RAESAQQQLG QGSRLCQWE RLTQLSLLEA EPQ 93



(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

5 RGAGGHQGES GRPEGWPPPF LHPGRGFQVP WLESVLIVVS NNIDEEALAR LAQEGSEVNV 60  
IGIGTSVVTC PQQPSLGGVY KLVAVGGQPR MKLTEDPEKQ TLPGSKAAFR LLGSDGSPLM120  
DMLQLAEEPV PQAQELRVW PPGAQEPCTV RPAQVEPLL R LCLQQGQLCE PLPSLAESRA180  
LAQLSLSRLS PEHRRLRSPA QYQVVLSERL QALVNSLCAG QSP 223

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 459

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

30 VIRVVSSQPR SESQGDCAH RLFTRACSLD DSTTWYCAGL RSRLCSGLSR LRDSWAKALD 60  
SARDGSGSHS CPCWRQSRSS GSTWAGLTVQ GSWAPGGHTL SSCPACGTGS SANCSMSMSG120  
DPSEPRSRKA ALLPGNVCFD GSSVSFIRGW PPTATSL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 460

35 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

50 PPLFPHLLFL WGKVSDDCCF QSAPLRVSGG LPRTQTVHQG LQPLGQHHLV LCRAPQPPVL60  
RAESAQQQLG QGSRLCQWE RLTQLSLLEA EPQ 93

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 461

- (A) LÄNGE: 328 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
5 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

20 FSLILCKHSI GDRKNYASAK LSELLPEEVE AEVKAAAEIS MGTEVSEEDI CNILHLCTQV 60  
IEISEYRTQL YEYLQNRMA IAPNVTVMVG ELVGARLIAH AGSLLNLAKH AASTVQILGA120  
EKALFRALKS RRDPKYGLI YHASLVGQTS PKHKGKISRM LAAKTVLAIR YDAFGEDSSS180  
AMGVENRAKL EARLRTLEDR GIRKISGTGK ALAKTEKYEH KSEVKTYDPS GDSTLPTCSK240  
KRKIEQVDKE DEITEKKAKK AKIKVKVEEE EEEKVAEEEE TSVKKKKKRG KKKHIKEEPL300  
25 SEEEPCTSTA IASPEKKKKK KKKRENE 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 462

- (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

45 YNRNSFLLIL VLSLFFLELL FLWTSNCCAG TWFFLRKWFF LNVFLFTPFL LLLHRCFFFF 60  
CHFFFFLFFN FNFNLGFFGF LFSNFILFIY LFYFAFFRTG WKCGVTTRIV SLHFTFVFIF120  
FCFC 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 463

- 50 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 461

- (A) LÄNGE: 328 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 5 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

20 FSLILCKHSI GDRKNYASAK LSELLPEEVE AEVKAAAEIS MGTEVSEEDI CNILHLCTQV 60  
 IEISEYRTQL YEYLQNRMM IAPNVTVMVG ELVGARLIAH AGSLLNLAKH AASTVQILGA120  
 EKALFRALKS RRDPKYGLI YHASLVGQTS PKHKGKISRM LAAKTVLAIR YDAFGEDSSS180  
 AMGVENRAKL EARLRTLEDR GIRKISGTGK ALAKTEKYEY KSEVKTYDPS GDSTLPTCSK240  
 KRKIEQVDKE DEITEKKAKK AKIKVKVEEE EEEKVAEEEE TSVKKKKKRG KKKHIKEEPL300  
 25 SEEEPCTSTA IASPEKKKKK KKKRENE 328

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 462

- (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

45 YNRNSFLLIL VLSLFFLFL FLWTSNCCAG TWFFLRKWEF LNVFLFTPFL LLLHRCFFFF 60  
 CHFFFLFFN FNFNLGFFGF LFSNFIIFIY LFYFAFFRTG WKCGVTTRIV SLHFTFVFIF120  
 FCFC 124

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 463

- 50 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

15 SSFSLFFFFFF FFFSGLIAIV LVHGSSSESG SSLMCFFLPL FFFFFFFDVSS SSATFSSSSS 60  
STLTLLIAFL AFFSVISSSL STCSILRFLE QVGSVESPEG S 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 464

(A) LÄNGE: 427 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

GGSSRRHGGG YAAVALLVLL LLGPGGWCLA EPPRDSLREE LVITPLPSGD VAATFQFRTR 60  
WDSELQREGV SHYRLFPAKAL GOLISKYSLR ELHLSFTQGF WRTRYWGPPF LQAPSGAELW120  
VWFQDTVTDV DKSWKELSNV LSGIFCASLN FIDSTNTVTP TASEFKPLGLA NDTDHYFLRY180  
40 AVLPREVVCT ENLTPWKLL PCSSKAGLSV LLKADRLFHT SYHSQAVHIR PVCARNARCT240  
ISWELRQTLS VVFDAFITGQ GKDWLSLFRM FSRTLTEPCP LASESRVYVD ITTYNQDNET300  
LEVHPPPTTT YQDVILGTRK TYAIYDLLDT AMINNSRNLN IQLKWKPPE NEAPPVPFLH360  
AQRVSGYGL QKGELSTLLY NTHPYRAFPV LLLDTVPWYL RLLHPLPACP GPAATPPPGD420  
45 ADSAAGQ 427

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 465

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

15 SSFSLFFFFFF FFFSGLAIAV LVHGSSSESG SSLMCFLLPL FFFFFFFDVSS SSATFSSSSS 60  
STLTLILAFL AFFSVISSL STCSILRFLE QVGSVESPEG S 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 464

(A) LÄNGE: 427 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

GGSSRRHGGG YAAVALLVLL LLGPGGWCLA EPPRDSLREE LVITPLPSGD VAATFQFRTR 60  
WDSELQREGV SHYRLFPKAL GQLISKYSLR ELHLSFTQGF WRTRYWGPPF LQAPSGAELW120  
VWFQDTVTDV DKSWEKLSNV LSGIFCASLN FIDSTNTVTP TASFKPLGLA NDTDHYFLRY180  
40 AVLPREVVCT ENLTPWKLL PCSSKAGLSV LLKADRLFHT SYHSQAVHIR PVCARNARCTS240  
ISWELRQTLS VVFDAFITGQ GKWDWSLFRM FSRTLTEPCP LASESRVYVD ITTYNQDNET300  
LEVHPPPTTT YQDVILGTRK TYAIYDLLDT AMINNSRNLN IQLKWKRPPE NEAPPVPFLH360  
AQRVYSGYGL QKGELSTLLY NTHPYRAFPV LLLDTVPWYL RLLHPLPACP GPAATPPPGD420  
ADSAAGQ 427

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 465

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60  
SSAPLSTSSST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120  
PRQASLCC 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 466

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

PQAWRRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60  
35 ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120  
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 467

40

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60  
SSAPLSTSSST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120  
PRQASLCC 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 466

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQFAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60  
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120  
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 467

40

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

5 FLHKTHNRAV EEAKEPFLCL CSRTERGPLA SVSLLVLPGL YQALRRGMET PHSGAWLGEG 60  
EAAGVLWASR GYNLSSLGNV CPFVGSSTR RGTQLYTGTI CVWSVL 106

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 468

10 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

25 ISTKQTTTHRL SQCKVESPDV SDYCLQMDTR SPESSDYTL KPKEPLPPPL PQARPQSGAF 60  
PYPASRPGTV REEPAGSRWP EGLSQSYRG IKRAPLLPPQ PCCESCAGIN LRNSPEAETG120  
LMPWERSECE PMAPSLGNT LPKYVKAEGD RDLAEGRKSF SSRN 164

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 469

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

50 EIRGRPPLFM PPLSCVDEFL QNRPHTDCPS VKLSPTTCRT TAYKWTHVPQ RAQIIPSRSP 60  
KNPCRLPFPK PGPRVGRFHT PPQGLVQSGK NQAHAGQRA SLSPTTEA 108

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 470



:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

5 FLHKTHNRAV EEAKEPFLCL CSRTERGPLA SVSLLVLPGL YQALRRGMET PHSGAWLGEG 60  
EAAGVLWASR GYNLSSLGNV CPFVGSSPTR RGTQLYTGTI CVWSVL 106

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 468

10 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

25 ISTKQTTTHRL SQCKVESPDV SDYCLQMDTR SPESSDYTLK KPKEPLPPPL PQARPQSGAF 60  
PYPASRPGTV REEPAGSRWP EGLSQSYIRG IKRAPLLPPQ PCCESCAGIN LRNSPEAETG120  
LMPWERSECE PMAPSLGNTN LPKYVKAEGD RDLAEGRKSF SSRN 164

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 469

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

EIRGRPPLEF PPLSCVDEFL QNRPHDCPS VKLSPPTCRT TAYKWHVPQ RAQIIPSRSP 60  
KNPCRLPFPK PGPRVGRFHT PPQGLVQSGK NQQAAGQRA SLSPTTEA 108

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 470

(A) LÄNGE: 317 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

NMVDYYEVLG VQRHASPEDI KKAYRKLALK WHPDKNPENK EEAERKFKQV AEAYEVLSDA 60  
 KKRDIYDKYG KEGLNGGGGG GSHFDSPFEF GTFRNPDDV FREFFGGRDP FSFDFFEDPF120  
 EDFFGNRRGP RGSRSRGTGS FFSAFSGFPS FGSGFSSFD TGTSTFGSLGH GGLTSFSSSTS180  
 FGGSGMGNFK SISTSTKMVN GRKITTKRIV ENGQERVEVE EDGQLKSLTI NGVADDDALA240  
 EERMRRGQNA LPAQPAGLRP PKPPRPASLL RHAPHCLSEE EGEQDRPGAP GPWDPLGVR300  
 RIERRWQEEE AEAERGV 317

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 471

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

SMPLVQLPSS FKLLSLLLLL PLATFFQSCC GRRGGPRARV PQVGPARPPP QRDSEARVSA 60  
 ARQAGAASAG GGRQAGLAGR SGLSACAPQR GHRRRPHHLL LRTLTGHLLQ LLLFLDRSRQ120  
 FSL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 472

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (A) LÄNGE: 317 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

20 NMVDYYEVLG VQRHASPEDI KKAYRKLALK WHPDKNPENK EEAERKFKQV AEAYEVLSDA 60  
KKRDIYDKYG KEGLNGGGGG GSHFDSPPFEF GFTFRNPDDV FREFFGGRDP FSFDFFEDPF120  
EDFFGNRRGP RGSRSRGTGS FFSAFSGFPS FGSGFSSFD T GFTSFGSLGH GGLTSFSSTS180  
FGGSGMGNFK SISTSTKMVN GRKITTKRIV ENGQERVEVE EDGQLKSLTI NGVADDDALA240  
EERMRRGQNA LPAQPAGLRP PKPPRPASLL RHAPHCLSEE EGEQDRPGAP GPWDPLGVRS300  
RIERRWQEEE AEAERGV 317

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 471

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

45 SMPLVQLPSS FKLLSLLLLL PLATFFQSCC GRRGGPRARV PQVGPARPPP QRDSEARVSA 60  
ARQAGAASAG GGRQAGLAGR SGLSACAPQR GHRRRPHHLL LRTLTHLLQ LLLFLDRSRQ120  
FSL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 472

- 50 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

KIRSNQCLWS NFLPPSNSSL CFCFFLLPPS FNPAADAEGV PGPGCPRSVL LALLLRETVR 60  
RVSQQRGRPG RLRAEAGRL GWQGVLASPH ALLSEGIVVG HTIYC 105

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 473

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

IVSERSLRSL WTAHWALPEM DSRIPYDDYP VVFLPAYENP PAWIPPHERV HHPDYNNELT 60  
35 QFLPRTITLK KPPGAQLGFN IRGGKASQLG IFISKVIPDS DAHRAGLQEG DQVLAVNDVD120  
FQDIEHSKAV EILKTAREIS MRVRFFPYNY HRQKERTVH 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 474

40

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

KIRSNQCLWS NFLPPSNSSL CFCFFLLPPS FNPAADAEGV PGPGCPRSVL LALLLRETVR 60  
RVSQQRGRPG RLRRAEAGRL GWQGVLASPH ALLSEGIVVG HTIYC 105

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 473

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

IVSERSLRSL WTAHWALPEM DSRIPYDDYP VVFLPAYENP PAWIPPHERV HHPDYNNELT 60  
QFLPRTITLK KPPGAQLGFN IRGGKASQLG IFISKVIPDS DAHRAGLQEG DQVLAVNDVD120  
EQDIEHSKAV EILKTAREIS MRVRFFPYNV HRQKERTVH 159

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 474

40

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

5 PPTGRPPPPFF FFFFFFFFSIV FYFLGERLGG GRGENSVSLE SQKCMNLLVV QGWDKMAREV60  
RWKIPKILFA TDFYN 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 475

10 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

25 LGG LSSSDVK SQLSSRRLQ CDGSGQKLQ LIVVVRVVP LMRRNPCWRI LIGRQENHRV60  
VIIRNPAVHL GQGPVGSPQR PQTPLTDNSV WEPEADA 97

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 476

30 (A) LÄNGE: 274 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

45 GHLWRPAGGR LPRHHDQVCR AAEPHRGGGL CGHQRRLPHR PRVQEGWGLC PHESLHQVPA 60  
DRPWHEPGAG CAADCEDPHR RPGACEPGAP PAARAAGLGR GTRHGNGDIL SFEDANRAMQ120  
TGVGTGIMIAR GALLKPWLFT EIKEQRHWDI SSSERLDILR DFTNYGLEHW GSDTQGV EKT180  
50 RRFLLEWLSF LCRYDPVGLL ERLPQRINER PPYYLGRDYL ETLMASQKAA DWIRISEMLL240  
GPVPPTSPSC RSTRPRTSS LRLSQGHPGA RRVQ 274

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

5 PPTGRPPPPFF FFFFFFFFSIV FYFLGERLGG GRGENSVSLE SQKCMNLLVV QGWDKMAREV60  
RWKIPKILFA TDFYN 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 475

10 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

25 LGGLSSSDVK SQLSSRRLQ CDGSGQKLQ LIVVVRVYP LMRRNPCWRI LIGRQENHRV60  
VIIRNPAVHL GQGPVGSPQR PQTPLTNSV WEPEADA 97

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 476

30 (A) LÄNGE: 274 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

45 GHLWRPAGGR LPRHHDQVCR AAEPHRGGGL CGHQRRRLPHR PRVQEGWGLC PHESLHQVPA 60  
DRPWHEPGAG CAADCEDPHR RPGACEPGAP PAARAAGLGR GTRHGNGDIL SFEDANRAMQ120  
TGVTGIMIAR GALLKPWLFT EIKEQRHWDI SSSERLDILR DFTNYGLEHW GSDTQGVEKT180  
50 RRFLLEWLSF LCRYDPVGLL ERLPQRINER PPYYLGRDYL ETLMASQKAA DWIRISEMLL240  
GPVPPTSPSC RSTRPTRTSS LRLSQGHFGA RRVQ 274

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 477

- 5 (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

20 AGPAPVQPGP HTRCRCPRGH GSRGRSQAGK LWCPAGPRRP GTSTPPSSPV RTCGPLTDED 60  
VVRLRPCEKK RLDIRGKLYL APLTTCGNLP FRRICKRFGA DVTCGEMAVC TNLLQGQMSE120  
WALLKRHQCE DIFGVQLEGA FPDMTKCAE LLSRTVEVDF VDINVGCPID LVYKKGCGCA180  
LMNRSTKFQQ IVRGMNQVLD VPLTVKIRTG VQERVNLAHR LLPELRDWGV ALVTEMGTS240  
25 HLRMPTAPCR LVSPGS 256

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 478

- 30 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

45 NLLYSRPRPV PLGKPEATCT RWPCASARRR GGGHWPKEHL ADADPVGCLL AGHQRLQVVA 60  
AQVVGRLPLVD PLWEPLQQPH GIVPAQEGQP LEQKAPGLLH ALRVRAVVLQ AVVGEVPQDV120  
QALGRRDVPV PLLLDLREEP RLEQGATGNH DPGDTS LHGA VGILK 165

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 479

- 50 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 477

- 5 (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

20 AGPAPVQPGP HTRCRCPRGH GSRGRSQAGK LWCPAGPRRP GTSTPPSSPV RTCGPLTDED 60  
VVRLRPCEKK RLDIRGKLYL APLTTCGNLP FRRICKRFGA DVTCGEMAVC TNLLQGQMSE120  
WALLKRHQCE DIFGVQLEGA FPDMTKCAE LLSRTVEVDF VDINVGCPID LVYKKGGGCA180  
LMNRSTKFQQ IVRGMNQVLD VPLTVKIRTG VQERVNLAHR LLPELRDWGV ALVTEMGTSC240  
HLRMTAPCR LVSPGS 256

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 478

- 30 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

45 NLLYSRPRV PLGKPEATCT RWPCASARRR GGGHWPKEHL ADADPVGCLL AGHQRLQVVA 60  
AQVVGRLVD PLWEPLQPH GIVPAQEGQP LEQKAPGLLH ALRVRAVLQ AVVGEVPQDV120  
QALGRRDVPV PLLLDLREEP RLEQGATGNH DPGDTS LHGA VGILK 165

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 479

- 50 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

15 GSPMSPARAM QTLFVPEHGD HGAGVCSDDH HRGGHVPAP LQAVCTVLHQ PAQPGAEERR 60  
CPVLRMPVA SETQCQATES QSRSLTPRLG PPTAWPCALR PAERFPPLPA QCLLHVQLQT120  
LFVPEHGDHG AGVCSDDHHR GGHVPAEPLQ AVCTVLHQPA QPGAEERRCP VLRMPVALG180  
EHSVRQRNPR AAGLRPASAH RPPGRAALRP AGALPPLPAH LSVPAARDRP AAHHLAVRRG240  
20 GAPTLPGLD LQSGSPRGV GN 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 480

(A) LÄNGE: 270 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

40 AAQCLLVQC KRSLFQSMEI TELEFVQIII IVVVTCLLSH YKLSARSFIS RHSQGRRED 60  
ALSSEGCLWP RRHSVRQRNP RAAVLRPASA HRPPGRAPFA QRSVFHRCQP NVSCTCNCKR120  
SLFQSMEITE LEFVQIIIV VVTCLLSHYK LSARSFISRH SQGRREDAL SSEGCLWPSE180  
STVSGNGIPE PQVYAPRPT DRLAVPPFAQ RERFHRFQPT YPYLQHEIDL PPTISLSDGE240  
45 EPPPYQGPT FKVRDFEEL EIERGLGAET 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 481

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

15 GSPMSPARAM QTLFVPEHGD HGAGVCSDDH HRGGHVPAP LQAVCTVLHQ PAQPGAEERR 60  
CPVLRMPVA SETQCQATES QSRSLTPRLG PPTAWPCALR PAERFPPLPA QCLLVHVLQT120  
LFVPEHGDHG AGVCSDDHHR GGHVPAEPLQ AVCTVLHQA QPGAEERRCP VLRRMPVALG180  
EHSVRQRNPR AAGLRPASAH RPPGRAALRP AGALPPLPAH LSVPAARDRP AAHHLAVRRG240  
20 GAPTLPGPLD LQSGSPRGV GN 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 480

(A) LÄNGE: 270 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

40 AAQCLLVHVC KRSLEFSMEI TELEFVQIII IVVVTCLLSH YKLSARFIS RHSQRRRED 60  
ALSSEGCLWP RRHSVRQRNP RAAVLRPASA HRPPGRAPFA QRSVFHRCQP NVSCTCNCKR120  
SLEFSMEITE LEFVQIIIIV VVTCLLSHYK LSARSFISRH SQGRRREDAL SSEGCLWPSE180  
STVSGNGIPE PQVYAPPRPT DRLAVPPFAQ RERFHRFQPT YPYLQHEIDL PPTISLSDGE240  
45 EPPPYQGPWT FKVRDPEEEL EIERGLGAET 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 481

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Prot in

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

ATTSC LHGPS SAGTARGGGE KMPCPQKDAC GPRRAQCQAT ESQSRRSTPR LGPPTAWPCR 60  
PSPSGSASTA SSPPIRTCST RSTCRPPSRC QTGRSPHPTR APGPSRFGTP RRSWKLNWDW120  
VRRP 124

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 482

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

RVLVSPLSLS MWRWKVEKDT VSILKLLRFS ERGRHLNRQV GFSVLSALGI WREMGLLSLC60  
TQEGHALKT VVDQRRLYST GGIQMSLRGR EETWQADYI 99

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 483

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

ATTSC LHGPS SAGTARGGGE KMPCPQKDAC GPRRAQCQAT ESQSRRSTPR LGPPTAWPCR 60  
PSPSGSASTA SSPPIRTCST RSTCRPPSRC QTGRSPHPTR APGPSRFGTP RRSWKLNGDW120  
VRRP 124

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 482

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

RVLVSPLSLS MWRWKVEKDT VSILKLLRFS ERGRHLNRQV GFSVLSALGI WREMGLLSLC60  
TQEGHALKT VFDQRRLYST GGIQMSLRGR EETWQADYI 99

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 483

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

5 VLEEEKKHKGK QITSEPFELC FSFFPCLFSK IYLNLETQDI FLGNLLPMSE VASAASRQIP 60  
GNPEPQNVIP PGSAWDPVL SAGFTYQSHS SFSINTPKSS PNHH 104

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 484

10 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

25 KLDSTQCRPS LHTNMYVLLS ECHLLCTQCH DSKIKISVSN QNINQARNWS AQRGVRGLSY 60  
TAVKQPTCSA HSQAESDWSC RQRGGGRVLC CPLLCMVSWV FQGGQLLSPN KTVNSLRTGP120  
LPH 123

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 485

35 (A) LÄNGE: 303 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

50 LGRKPSWVGG AGLEPSQSG LSHHPAPQSD SAPTSPPIPG EPGPQREVSK WGGSLGRPES 60  
SGHPGRTPAT CCHCAAVMAR SGSATPPARA PGAPPRSPQ RLVQDVSGPL RELRPRCLHL120  
RKGPQGYGFN LHSDKSRPGQ YIRSVDPGSP AARSGLRAQD RLIEVNGQNV EGLRHADEVVA180  
SIKAREDEAR LLVVDPETDE HFKRLRVTP TEEHVEGPLPS PVTNGTSPAQ LGGGSACSSR240  
SDLPGSDKDT EDGSAWKQDP FQESGLHLSP TAAEAKEKAR AMRVNKRAPO MDWNRKREIF300  
SNF 303

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

5 VLEEEKKHKGK QITSEPFELC FSFFPCLFSK IYLNLETQDI FLGNLLPMSE VASAASRQIP 60  
 GNPEPQNVIP PGSAWPDVPL SAGFTYQSHS SFSINTPKSS PNHH 104

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 484

10 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

25 KLDSTQCRPS LHTNMYVLLS ECHLLCTQCH DSKIKISVSN QNINQARNSW AQRGVRGLSY 60  
 TAVKQPTCSA HSQAESDWSC RQRGGGRVLC CPLLCMVSWV FQGGQLLSPN KTVNSLRTGPI20  
 LPH 123

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 485

35 (A) LÄNGE: 303 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

50 LGRKPSWVGG AGLEPSQGS G LSHPAPQSD SAPTSPPIPG EPGPQREVDK WGGSLGRPES 60  
 SGHPGRTPAT CCHCAVMAR SGSATPPARA PGAPPRSPQ RLVQDVSGPL RELRPRCHL120  
 RKGPQGYGFN LHSDKSRPGQ YIRSVDPGSP AARSGLRAQD RLIEVNGQNV EGLRHAEVVA180  
 SIKAREDEAR LLVDPETDE HFKRLRVTPT EEHVEGPLPS PVTNGTSPAQ LNGGSACSSR240  
 SDLPGSDKDT EDGSAWKQDP FQESGLHLSP TAAEAKEKAR AMRVNKRAPQ MDWNRKREIF300  
 SNF 303

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 486

- 5 (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

20 APRRRPRRRR LEPCESTSR HRWTGTGSVK SSATSEPLPA CLGTLGPLPH GPWASACPEL 60  
PQPQWTGGWS CHCPEISPSP GEPPSCPCPP GTGGLWQQDR GRETQRCERE SETETERERE120  
RHRERQRESE RARGSRGARA FAALPGPAD 149

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 487

- 25 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

40 FLGNGRTTLQ STEAGGARGR LRPKVRAGGV PGSRDRQEGA QKLLKISRFL FQSICGARLL 60  
TRMARAFSLA SAAVGLRWRP LSWKGSCFQA LPSSVSLSEP GRSLRDEHAE PPLSWAGLVP120  
LVTGDGRGPS TCSSVGVTSS RLKCSSVSGS TTSSSRASSR ALMLATTSAW RSPSTFCPFT180  
45 SMSRSWARRP ERAAGEPGST ERMYPGRDL SLCRLNP 217

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 488

- 50 (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 486

- 5 (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

20 APRRRPRRRR LEPCESTSAR HRWTGTGSVK SSATSEPLPA CLGTLGPLPH GPWASACPEL 60  
PQPQWTGGWS CHCPEISPSP GEPPSCPCPP GTGGLWQQDR GRETQRCERE SETETERERE120  
RHRERQRESE RARGSRGARA FAALPGPAD 149

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 487

- 25 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

FLGNRRTTLQ STEAGGARGR LRPKVRAGGV PGSRDQEGA QKLLKISRFL FQSICGARLL 60  
TRMARAFSLA SAAVGLRWRP LSWKGSCFQA LPSSVSLSEP GRSLRDEHAE PPLSWAGLVP120  
LVTGDGRGPS TCSSVGVTSS RLKCSSVSGS TTSSRASSR ALMLATTS AW RSPSTFCPFT180  
45 SMSRSWARRP ERAAGEPGST ERMYPGRDL SLCRLNP 217

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 488

- 50 (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

15 EIRAVGGGVC VDMGTPGEG LGRCSHALIR GVPESLASGE GAGAGLPALD LAKAQREHGV 60  
LGGKLRQRLG LQLELPPEE SLPLGPLLGD TAVIQGDTAL ITRPWSPARR PEVDGVRKAL120  
QDLGLRIVEI GDENATLDGT DVLFTGREFF VGLSKWTNHR GAEIVADTFR DFAVSTVPVS180  
GPSHLRGLCG MGGPRTVVAG SSDAAQKAVR AMAVLTDHPY ASLTLRDDAA ADCLFLRPGL240  
PGVPPFLHR GGGDLPNSQE ALQKLSDVTL VPVSCSELEK AGAGLSSLCL VLSTRPHS 298

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 489

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

40 AGHRYQGDIR ELLQCLLAVG QIPTSTVQEE RGHTRQPRTK KETVSSCVIW EGQGGIWVIC 60  
QHCHCPDSSL GSVAACHNS ARSPHAAETA QVGGTRDWHG GDGEVPERVR HDLSSSVIGP120  
FGEAYEKLPA GEENVSAIQ RVLVSYPHNS EPQVLQGFAD SIDLWPTSGA PGPRD 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 490

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

15 EIRAVGGGVC VDGMTPEGEG LGRCSHALIR GVPESLASGE GAGAGLPALD LAKAQREHGV 60  
LGGKLRQRLG LQLELPPEE SLPLGPLLGD TAVIQGDAL ITRPWSPARR PEVDGVRKAL120  
QDLGLRIVEI GDENATLDGT DVLFTGREFF VGLSKWTNHR GAEIVADTFR DFAVSTVPVS180  
GPSHLRGLCG MGGPRTVVAG SSDAAQKAVR AMAVLTDHPY ASLTLPDAA ADCLEFLRPGL240  
PGVPPFLHR GGGDLPSQE ALQKLSDVTL VPVSCSELEK AGAGLSSLCL VLSTRPHS 298

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 489

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

40 AGHRYQGDIR ELLQCLLAVG QIPTSTVQEE RGHTRQPRTK KETVSSCVIW EGQGGIWVIC 60  
QHCHCPDSSL GSVAAACHNS ARSPHAAETA QVGGTRDWSH GDGEVPERVR HDLSSSVIGP120  
FGEAYEKLPA GEENVSAIQR RVLVSYPHNS EPQVLQGFAD SIDLWPTSGA PGPRD 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 490

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

LGPCPLGSRP CRQAAVPAAM TEQVAVLAAV APVVASVYLP APRAPFELWP DPEREGQPPH 60  
LPPTPGSLGL PGSGHGSSGP APPPASPSHP HRLPLQPLGF LSFLVSSPVS SGHPHSCRAV120  
10 ISAGAPPPED RVGGEPSRL QASGTGSSGF 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 491

15 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

30 FVKRTKQPRQ TLDAPCSALR LWGRCLLGEA VAQGVHCEAG PVDSAGGIHL ASGCLVSVYS60  
DIAFCCHLSC GQRGVSWHEN IFFFKCGSF 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 492

35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

LTHLLFEKCL LPSLGLITKF DHDHIVVSQS ALEIVSGLHE VAMGVWSTLK LYQSCTYFQT60  
FLK 63

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

LGPCPLGSRP CRQAAVPAAM TPQVAVLAAV APVVASVYLP APRAPFELWP DPEREGQPPH 60  
LPPTPGSLGL PGSGHGSSGP APPPASPSHP HRLPLQLGF LSFLVSSPVS SGHPHSCRAV120  
10 ISAGAPPPED RVGGEGLPRL QASGTGSSGF 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 491

15 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

30 FVKRTKQPRQ TLDAPCSALR LWGRCLLGEA VAQGVHCEAG PVDSAGGIHL ASGCLVSVYS60  
DIAFCCHLSC GQRGVSWHEN IFFFKCGSF 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 492

35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

50

LTHLLFEKCL LPSLGLITKF DHDHIVVSQS ALEIVSGLHE VAMGVWSTLK LYQSCITYFQT60  
FLK 63

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 493

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

20 DGSRMLCHYI QKQDNLKLNG CPLQSQQVQP H SARPELQPL PKGIFPTAST PSKEHQGFVS60  
VVLFFLQTID IYS 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 494

- 25 (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

40 KCATFWSFPR RQGGLGIAIS EEDTLSGVII KSLTEHGVA T DGR LKVG DQ ILAVDDEIVV 60  
GYPIEFISL LKTAKMTVKL TIHAENPDSQ AVPSAAGAAS GEKKNSSQSL MVPQSGSPEP120  
ESIRNTSRSS TPAIFASDPA TCPIIPGCET TIEISKGR TG LGLSIVGGSD TLLGAI I IHE180  
VYEEGAACKD GRLWAGDQIL EVNGIDL RKA THDEAINVLR QTPQVRVRLTL YRDEAPYKEE240  
45 EVCDTLTIEL QKKPGKGLGL SIVGKRNDTG V FVS DIVKGG IADADGR LMQ GDQILMVNGE300  
DVRNATQEAV AVWIKVFP 318

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 495

- 50 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 493

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

20 DGSRLCHYI QKQDNKLNG CPLQSQQVQP HSARPELQPL PKGIFPTAST PSKEHQGFVS60  
 VVLFFLQTID IYS 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 494

- 25 (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

40 KCATFWSFPR RQGGLGIAIS EEDTLSGVII KSLTEHGVA A TDGRLKVG DQ ILAVDDEIVV 60  
 GYPIEKFISL LKTAKMTVKL TIHAENPDSQ AVPSAAGAAS GEKKNSSQSL MVPQSGSPEP120  
 ESIRNTSRSS TPAIFASDPA TCPIIPGCET TIEISKGR TG LGLSIVGGSD TLLGAIIEHE180  
 VYEEGAACKD GRLWAGDQIL EVNGIDLRKA THDEAINVLR QTPQVRVRLTL YRDEAPYKEE240  
 45 EVCDTLTIEL QKKPGKGLGL SIVGKRNDTG VEVSDIVKGG IADADGR LMQ GDQILMVNGE300  
 DVRNATQEAV AVWIKVFP 318

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 495

- 50 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

15 SAFAEMGSDH TQSSASKISQ DVDKEDEFGY SWKNIRERYG TLTGELHMIE LEKGHSGGLGL 60  
SLAGNKDRSR MSVFIVGIDP NGAAGKDGR L QIADELLEIN GQILYGRSHQ NASSIIKCAP120  
SKVKIIFIRN KDAVNQMAVC PGNAVEPLPS NSEN LQNKET EPTVTTS DAA VDLSSFKNVQ180  
HSGASQGGRG VVVL LSAKKI HSVES S 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 496

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

TSWIIMAPSS VSEPPTMLRP SPVRPLEISM VVSQPGIMQ VAGSEAKIAG VDDLLVFRMD 60  
SGSGEPDCGT IRDWELFFFS PLAAPAAEGT AWESGFSAWM VSFTVIFAVF RRLINFSIG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 497

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

15 SAFAEMGSDH TQSSASKISQ DVDKEDEFGY SWKNIRERYG TLTGELHMIE LEKGHSGGLGL 60  
SLAGNKDRSR MSVFIVGIDP NGAAGKDGRL QIADELLEIN GQILYGRSHQ NASSIIKCAP120  
SKVKIIFIRN KDAVNQMAVC PGNAVEPLPS NSENLOQNKET EPTVTTSDAA VDLSSFKNVQ180  
HSGASQGGRG VWVLLSAKKI HSESS 206

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 496

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

TSWIIMAPSS VSEPPTMLRP SPVRPLEISM VVSQPGIMGQ VAGSEAKIAG VDDLLVFRMD 60  
SGSGEPDCGT IRDWELFFFS PLAAPAAEGT AWESGFSAWM VSFTVIFAVF RRLINFSIG 119

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 497

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

SAPSLTKCRS THVYPLSLIM FMSGSSRST LRRMVPTPST TSLSPRSSSS TSKLLTQSGP60  
SLPQPPASRP F 71

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 498

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

SRSPACGASE HGDGAMSLIC SISNEVPEHP CVSPVSNHVV ERRLEKYIA ENGTDPINNQ 60  
PLSEEQQLIDI KVAHPIRPKP PSATSIPAIL KALQDEWDAV MLHSFTLRQS CRQPAKSCHT120  
LCTSTMPPAV SLPVSPRKL 139

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 499

35

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

50

TTGRERGCPR CAGLFYCFLE LMKLDHCLQN PAQALLPIPF TVSLVRRAMT RQAASCWYRA60

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

SAPSLTKCRS THVYPLSLIM FMSGSSRST LRRMVPTPST TSLSPRSSSS TSKLLTQSGP60  
SLPQPPASRP F 71

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 498

15 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

30 SRSPACGASE HGDGAMSLIC SISNEVPEHP CVSPVSNHVV ERRLIEKYIA ENGTDPINNQ 60  
PLSEEQLIDI KVAHPIRPKP PSATSIPAIL KALQDEWDAV MLHSFTLRQS CRQPAKSCHT120  
LCTSTMPPAV SLPVSPRKL 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 499

35 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

TTGRERGCRRP CAGLFYCFLF LMKLDHCLQN PAQALLPIPF TVSLVRRAMT RQAASCWYRA60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 500

- 5 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

20 FSFFNETRSL LTKPCTSPPA HPLHSSLGSA SPVSQELQQN GCGTATTTSI ERQEGRGAVG60  
 LVQGGFFIVFF F 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 501

- 25 (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

45 EARGLATRTR SGAAAHAGDR FTDADDVAIL TYVKENARSP SSVTGNALWK AMEKSSLTQH 60  
 SWQSLKDRYL KHLRGQEHKY LLGDAPVSPS SQKLKRKAE DPEAADSGEP QNKRTPLDPE120  
 EEEVKEEIQE NEEAVKKMLV EATREFEEV VDESPDFEI HITMCDDDP TPEEDSETQP180  
 DEEEEEEEK VSQPEVGAAI KIIRQLMEKF NLDLSTVTQA FLKNSGELEA TSAFLASGQR240  
 ADGYPIWSRQ DDIDLQKDDE DTREALVKKF GAQNVARRIE FRKK 284

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 502

- 50 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

CDSSWRVCS SGAE

74

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 500

- 5 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

20

FSFFNETRSL LTKPCTSPPA HPLHSSLGSA SPVSQELQQN GCGTATTTSI ERQEGRGAVG60  
LVQGFFIVFF F 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 501

25

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

EARGLATRTR SGAAAHAGDR FTDADDVAIL TYVKENARSP SSVTGNALWK AMEKSSLTQH 60  
SWQSLKDRYL KHLRGQEHKY LLGDAPVSPS SQKLKRKAE DPEAADSGEP QNKRTDLP120  
EEYVKEEIQE NEEAVKKMLV EATREFEEV VDESPPDFEI HITMCDDPP TPEEDSETQP180  
45 DEEEEEEEK VSQPEVGAAI KIIRQLMEKF NDLSTVTQA FLKNSGELEA TSAFLASQR240  
ADGYPIWSRQ DDIDLQKDE DTREALVKKF GAQNVARRIE FRKK 284

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 502

- 50 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

15 ETFSSSSSSS SSGCVSESSS GVGGSSSHIV ICISKSGGLS STTSSNSRV ASTSIFLTAS 60  
SFSWISSFTY SSSGKSGVLL FCGSPLSAAS GSSSAFRLSF WEEGLTGASP SRYLCSPRR120  
CLR 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 503

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

35 VFLRCGWIII THSYMYFKIR RALIHNNLLK LPGGFHKHLF DCFILLDDFF LHILFFRQIW 60  
SSLILWFPAI RGLRVLLRLP LELLGGGAHR RVPQQVLMML APQVLEVAVL QGLPRVLRER120  
40 ALLHRFPQGV TGDGAGRAGI FLHVGKDGIV VRIREAIARV RCRSAPRARR QAPGF 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 504

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

15    ETFSSSSSSS SSGCVSESSS GVGGSSSHIV ICISKSGGLS STTTSSNSRV ASTSIFLTAS 60  
      SFSWISSFTY SSSGKSGVLL FCGSPLSAAS GSSSAFRLSF WEEGLTGASP SRYLCSWPRR120  
      CLR

123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 503

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

VFLRCGWIII THSYMYFKIR RALIHNNLLK LPGGFHKHLF DCFILLDFF LHILFFRQIW 60  
SSLILWFPAI RGLRVLLRLP LELLGGGAHR RVPQQVLMML APQVLEVAVL QGLPRVLRER120  
ALLHRFPQGV TGDGAGRAGI FLHVKGKGYV VRIREAIARV RCRSAPRARR QAPGF 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 504

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH:** ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

CPPEKSLQMF QPLSSPDSHR KGTGFGGLGIV FSLTFFKRRM WPLAFGSGMG LGMAYSNCQH60  
DFQAPYLLHG KYVKEQEQ 78

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 505

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

SKTSTLPVAI WTRQRLEHLQ GFLGWTSITR ILSSRPHPD TGPTSCRAFT QTCSPPPAPPA60  
FLSAGPRAPT PESLARAGNK SQVRKAGADA PDIAR 95

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 506

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einz l

(D) TOPOLOGIE: linear



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

CPPEKSLQMF QPLSSPDSHR KGTGFGLGIV FSLTFFKRRM WPLAFGSGMG LGMAYSNCQH60  
DFQAPYLLHG KYVKEQEQ 78

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 505

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

SKTSTLPVAI WTRQRLEHLQ GFLGWSITR ILSSRPHPD TGPTSCRAFT QTCSPAPPA60  
FLSAGPRAPT PESLARAGNK SQVRKAGADA PDIAR 95

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 506

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

AIPNPMPEPK ANGHILLKK VSEKTIPNPK PVPFLWLSGL DRGWNICRDF SGGHQLPGFY 60  
LHDRIRQTPV PLPAELRLRH VPHPRQLQSS RPAPALRPLK VSRELETSPR SGRQAQTLQI120  
SRDDPLLPSL PVFSVGRQGD AVVWRLEVTL TLGCAY 156

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 507

- 5 (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

20 AASGMLGSWP ARTFHPGACV SRRPSAPWKH TASGKDSPDL RFSEHGVSQE FWAGGLVAVL 60  
EMTPSPSPWG TQEGPAGMCS LWVVGWPCPC GAGVRDLVLV HAGVWCKHVC AVQRDACGES120  
RTPAPPRKGG AVTSVLCFL IKTFFLFSYK FASCKQVHKD PPLVKSGFE 169

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 508

- 25 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

40 TQNTGNRSAP PGWRWCAALS TRVSLYSTYM FTPHTCVDEH QITHPSSTTG TPADYPQAAH 60  
SGRALLGAPR GGARGHLQHC HQAASPEFLG NTVLGKPKVR AVLPRGRVLP GCGGPAADTG120  
45 PRVEGPGRPA SKHARRSLGE PGSVASSLLS LRSPI 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 509

- 50 (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 507

- 5 (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

20 AASGMLGSWP ARTFHPGACV SRRPSAPWKH TASGKDSPDL RFSEHGVSQE FWAGGLVAVL 60  
EMTPSPSPWG TQEGPAGMCS LWVVGWCPGR GAGVRDLVLV HAGVWCKHVC AVQRDACGES120  
RTPAPPRKGG AVTSVLCFL IKTFFLFSYK FASCKQVHKD PPLVKSGFE 169

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 508

- 25 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

40 TQNTGNRSAP PGWRWCAALS TRVSLYSTYM FTPHTCVDEH QITHPSSTTG TPADYPQAAH 60  
SGRALLGAPR GGARGHLQHC HQAASPEFLG NTVLGKPKVR AVLPRGRVLP GCGGPAADTG120  
45 PRVEGPGRPA SKHARRSLGE PGSVASSLLS LRSPI 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 509

- 50 (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

15 ENRGNVLIKN KHKTLVTAPP FLGGAGVRLS PHASLCTAHT CLHHTPAWTS TRSRTPAPRQ 60  
GHQPTTHRLH IPAGPSWVPH GEGLGVISST ATRPPAQNSW ETPCSENRRS GLSFPEAVCF120  
QGAEGRRLTQ APGWKVLGQ LPSMPDAA 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 510

20 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

35 NAYISGYERD FMTIQSNITL ADRETEVFHD LPSLPASLRQ NWIPTLVFFL PFTSFSLLYN60  
VLRDQNSHQN RLFLR 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 511

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

15 ENRGNVLIKN KHKTLVTAPP FLGGAGVRLS PHASLCTAHT CLHHTPAWTS TRSRTPAPRQ 60  
GHQPTTHRLH IPAGPSWVPH GEGLGVISST ATRPPAQNSW ETPCSENRRS GLSFPEAVCF120  
QGAEGRRLTQ APGWKVLAGQ LPSMPDAA 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 510

20 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

5

FRDTEGLLAL MTFWMGLQLM TILILEERTL LIFSPIALLR RSTSYSESLH IPLVFLQAPE60  
PLVQMLY 67

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 512

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

30

IFFFFFFFF PLRHLFNCR NPKELASNLE VVSEAAGWLD WAQPLSCLNR PRNGIMMTMR 60  
TSILSSSHCV YYVFSFNKAF VPMALDELGGR LKECVVILSK M 101

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 513

35

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

FGTMGGISDP DTLHIWKTNS LPLRFVWNIL KNPQFVFDID KTDHIDACLS VIAQAFIDAC 60  
SISDLQLGKD SPTNKLKYAK EIPEYRKIVQ RYKQIQDMT PLSEQEMNAH LAEESRKYQN120

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

5

FRDTEGLLAL MTFWMGLQLM TILILEERTL LIFSPIALLR RSTSYSESLH IPLVFLQAPE60  
PLVQMLY 67

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 512

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

30

IFFFFFFFF PLRHLFNNCR NPKELASNLE VVSEAAGWLD WAQPLSCLNR PRNGIMMTMR 60  
TSILSSSHCV YYVFSFNKAF VPMALGLGR LKECVVILSK M 101

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 513

35

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

50

FGTMGGISDP DTLHIWKTNS LPLRFVWNIL KNPQFVFDID KTDHIDACLS VIAQAFIDAC 60  
SISDLQLGKD SPTNKLLYAK EIPEYRKIVQ RYKQIQDMT PLSEQEMNAH LAESRKYQN120

EFNTNVAMAE IYKYAKRYRP QIMAALEANP TARRTQLQHK FEQVVALMED NIYECYSEA 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 514

- 5 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

20 DRGAPALTPG HLHPLPPVPR SVSGMEAREL VRLPHLPSTA CTVPTHLLHN VQLVLLPRAP 60  
CIQAAKHKLK ERRPPARRLQ PRNSTSSTLV QGALLELTFD WFLQLPKCY LHFPLTRRGS120  
WPQTVSSSVR FLLLGRLLE WVPAPWGAL WASPGAGRVE GRDGGHRSWE PRLQEKERG 179

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 515

- (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

SGDRWEGMEV PRGQGGGAPV SESSPSSCPR PSRLCSVFPS LSHRHGVEDQ VEAQWASISP 60  
SSSLTNSPCV SGLTVALVDV VLHQSHLLK LVLQLCPPGR GVGLQRGHDL RPIPLGVLIN120  
45 LCHGHIGVEL ILVFPRLGQ MGIHLLAER RHVLDLLVVA LHDLPVLRNL LGVEELVGWR180  
ILAQLQVRDG AGVDEGLRDD 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 516

50

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren



EFNTNVAMAE IYKYAKRYRP QIMAALEANP TARRTQLQHK FEQVVALMED NIYECYSEA 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 514

- 5 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

20 DRGAPALTPG HLHPLPPVPR SVSGMEAREL VRLPHLPSTA CTVPTHLLHN VQLVLLPRAP 60  
CIQAAKHKLK ERRPPARRLQ PRNSTSSTLV QGALLELTFD WFLQLPKCY LHFPLTRRGS120  
WPQTVSSSVR FLLLGRLLVE WAVPAPWGAL WASPGAGRVE GRDGGHRSWE PRLQEKERG 179

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 515

- (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

SGDRWEGMEV PRGQGGGAPV SESSPSSCPR PSRLCSVFPS LSHRHGVEDQ VEAQWASISP 60  
SSSLTNSPCV SGLTVALVDV VLHQSHHLLK LVLQLCPPGR GVGLQRGHDL RPIPLGVLIN120  
45 LCHGHIGVEL ILVFPRLGQ MGIHLLLAER RHVLDLLVVA LHDLPVLRNL LGVEELVGWR180  
ILAQLQVRDG AGVDEGLRDD 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 516

- 50 (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15

```
TSMEALLFRL FKLPTTLRC IGLRRPLVTH TLRRKCEHKA SRLCHGGCCC TLEPCVGRHR 60
DWDLERGKSS AKTGGEHGR RTAAARGGSE RPYLGHRRRD PDAGGLRGQD GEALQHRGWH120
IPGSETLPGR GGHVPWPRPG RRHPHMC GF WDSQSLA 157
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 517

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40

```
RTRCAGSVNT KPPGFVMAAA AARWNHVWVG TETGILKGVN LQRKQANFT AGGQPRREEA 60
VSALCWGTGG ETQMLVGCAD RTVKHFSTED GIFQGQRHCP GGEGMFRGLA QADGTLITCV120
DSGILRVWHD KDKDTSSDPL LELRVGPGVC RMRQDPAHPH VVATGGKENA LKIWDLQGE180
EPVFRAKNVR NDWLDLRVPI WDQDIQFLPG SQKLVTCTGY HQVRVYDPAS PQRFPVLETT240
YGEYPLTAMT LTPGGNSVIV GNTHGQLAEI DLRQGRLLGC LKGLAGSVRG LQCHPSKPLL300
ASCGLDRVLR IHRIQNPRGL EHKVYLKSQL NCLLLSGRDN WEDEPQEPQE PNKVPLEDTE360
TDELWASLEA AAKRKLSGLE QPQALQTRR RKKKRPGSTS P 401
```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 518

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 50 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

TSMEALLFRL FKLPAATLRC IGLRRPLVTH TLRRKCEHKA SRLCHGGCCC TLEPCVGRHR 60  
DWDLERGKSS AKTGGEHGR RTAAARGGSE RPVLGHRRRD PDAGGLRGQD GEALQHRGWH120  
IPGSETLPGR GGHVPWPRPG RRHPHMC GF WDSQSLA 157

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 517

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

RTRCAGSVNT KPPGFVMAAA AARWNHVWVG TETGILKGVN LQRKQANFT AGGQPRREEA 60  
VSALCWGTGG ETQMLVGCAD RTVKHFSTED GIFQGQRHCP GGEGMFRGLA QADGTLITCV120  
40 DSGILRVVHD KDKDTSSDPL LELRVGPGVC RMRQDPAHPH VVATGGKENA LKIWDLQGSE180  
EPVFRAKNVR NDWLDLRVPI WDQDIQFLPG SQKLVTCTGY HQVRVYDPAS PQRRPVLETT240  
YGEYPLTAMT LTPGGNSVIV GNTHGQLAEI DLRQGRLLGC LKGLAGSVRG LQCHPSKPLL300  
ASCGLDRVLR IHRIQNPRGL EHKVYLKSQL NCLLLSGRDN WEDEPQEPQE PNKVPLEDTE360  
45 TDELWASLEA AAKRKLSGLE QPQALQTRR RKKKRPGSTS P 401

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 518

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

SWEKLYVLVP DGNPQVQPI PHVLGPEHRF LRALQVPYLQ SILFPTCGNH MGVCWVLAHP 60  
 THPRAHSQFQ EWVRGCVLVL VMPDSENPRI HTCDEGAVGL GEATEHALPA RAVSLTLEYA120  
 ILGAEVLHRP VRAAHQHLGL AAGAPTQGAH CLLAPRLSSG REVRRLFSLK IYPFQDPSLG180  
 15 ADPHMVPACS SSRHDKAWRL CVHTSGAACA SPAGVEVRCT AV 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 519

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
 20 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

35 DPRPVSLTL ALLPRCHFLS SSVKYRLHIL SLNASTICVT PKDFWDFDET CEGEDTEKPV60  
 ICKHLLLFPH HLWDISAVVS KWQIIN 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 520

40 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

SWEKLYVLVP DGNPQVQPI PHVLGPEHRF LRALQVPYLO SILFPTCGNH MGVCWVLAHP 60  
 THPRAHSQFQ EWVRGCVLVL VMPDSENPRI HTCDEGAVGL GEATEHALPA RAVSLTLEYA120  
 ILGAEVLHRP VRAAHQHLGL AAGAPTQGAH CLLAPRLSSG REVRRLFSK IYPFQDPSLG180  
 15 ADPHMVPACS SSRHDKAWRL CVHTSGAACA SPAGVEVRCT AV 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 519

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

35 DPRPVSLTL ALLPRCHFLS SSVKYRLHIL SLNASTICVT PKDFWDFDET CEGEDTEKPV60  
 ICKHLLLPFH HLWDISAVVS KWQIIN 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 520

40

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

5 ISSVNYHMTI QAQYKLGHCI LCGWISVAVF LTSPKKTSCR AELLVQAPDN DAPDFAFWGL60  
SLLLSHFLKL FAWPWHH 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 521

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 CGNKSCKLQI TGFSVSSPSQ VSSKSQKSLG VTQIVLALSD KMCSLYLTEE ERKWHLGSSA60  
RVSKETGLGS Q 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 528

30 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

45 LTYLFFFFFF FFLGRSLGFI RSVGTLFRSE APPSHGVGDS GGRGNPSEHP GGCVVSMYFA 60  
LPHLFHGVPC QGQALICGEG SKQRRRPFRG GERAVAPRTP SPAHDIPEKE TKIKPRGLST120

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 529

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

5 ISSVNYHMTI QAQYKLGHCI LCGWISVAVF LTSPKKTSCR AELLVQAPDN DAPDFAFWGL60  
SLLLSHFLKL FAWPWHH 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 521

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 CGNKSCKLQI TGFSVSSPSQ VSSKSQKSLG VTQIVLALSD KMCSLYLTEE ERKWHLGSSA60  
RVSKETGLGS Q 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 528

30 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

45 LTYLFFFFFF FFLGRSLGFI RSVGTLFRSE APPSHGVGDS GGRGNPSEHP GGCVVSMYFA 60  
LPHLFHGVPC QGQALICGEG SKQRRRPFRG GERAVAPRTP SPAHDIPEKE TKIKPRGLST120

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 529

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 529:

PLLKGKKLSA ALTNLSFFFF FFFFGKKPW LYSLCGDTVP FRGPSQPWGG GQWWAWESQR60  
ASWRVRRHLV FCSSPSFPWG PLPGSSTNMW 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 530

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 530:

NKAPGPFYVG APLKYG MVVG REAVAQQSLs PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60  
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 531

- (A) LÄNGE: 497 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50



- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 529:

PLLKGGKLSA ALTNLSFFFF FFFFGKKPW LYSLCGDTVP FRGPSQPWGG GQWWAWESQR60  
ASWRVRRHLV FCSSPSFPWG PLPGSSTNMW 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 530

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 530:

NKAPGPFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSLS PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60  
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 531

- (A) LÄNGE: 497 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 531:

TPALVQRFRE GGSGAPEQAE CVELLLALGE PAEELCEEFL AHARGRLEKE LRNLEAELGP 60  
SPPAPDVLEF TDHGGSGFVG GLCQVAAAYQ ELFAAQGPAG AEKLAAAFARQ LGSRYFALVE120  
10 RRLAQEQGGG DNSLLVRALD RFHRRLRAPG ALLAAAGLAD AATEIVERVA RERLGHHLQG180  
LRAAFLGCLT DVRQALAAPR VAGKEGPGLA ELLANVASSI LSHIKASLAA VHLFTAKEVS240  
FSNKPYFRGE FCSQGVREGL IVGFVHSMCQ TAQSFCDSPG EKGATPPAL LLLLSRLCLD300  
YETATISYIL TLTDEQFLVQ DQFPVTPVST LCAEARETAR RLLTHYVKVQ GLVISQMLRK360  
SVETRDWLST LEPRNVRAVM KRVVEDTTAI DVQVGLLYEE GVRKAQSSDS SKRTFSVYSS420  
15 SRQQGRYAPS YTPSAPMDTN LLSNIQKLF5 ERIDVFSPVE FNKVSVLGTI IKISLKTLAG480  
SVCGLRTFLA LCGLQQG 497

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 532

20 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 532:

CGSGWSWPHW PATRPGQGPP SQPREVLPAW GGRLSGSPGR PPGDPAGGGP GARGPLVPRS 60  
PWQRLRARQR PAGPREPASA GGSGPAPAPA VSCHHHHPAPA PAAAPPAQNS GCPAAGRPP120  
ASRHLGPGP QTAPGRPPPP GRGRPRSHCL HGR 153

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 533

45 (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 531:

10 TPALVQRFRE GGSGAPEQAE CVELLLALGE PAEELCEEFL AHARGRLEKE LRNLEAELGP 60  
SPPAPDVLEF TDHGGSGFVG GLCQVAAAYQ ELFAAQGPAG AEKLAAFARQ LGSRYFALVE120  
RRLAQEQGGG DNSLLVRALD RFHRRLRAPG ALLAAAGLAD AATEIVERVA RERLGHHLQG180  
LRAAFLGCLT DVRQALAAPR VAGKEGPGLA ELLANVASSI LSHIKASLAA VHLFTAKEVS240  
FSNKPYFRGE FCSQGVREGL IVGFVHSMCQ TAQSFCDSPG EKGATPPAL LLLLSRLCLD300  
YETATISYIL TLTDEQFLVQ DQFPVTPVST LCAEARETAR RLLTHYVKVQ GLVISQMLRK360  
SVETRDWLST LEPRNVRAVM KRVVEDTTAI DVQVGLLYEE GVRKAQSSDS SKRTFSVYSS420  
15 SRQQGRYAPS YTPSAPMDTN LLSNIQKLF S ERIDVFSPVE FNKVSVLTGI IKISLKTLAG480  
SVCGLRFLA LCGLQQG 497

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 532

20 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 532:

CGSGWSWPHW PATRPGQGPP SQPREVLPA GGRLSGSPGR PPGDPAGGGP GARGPLVPRS 60  
PWQRLRARQR PAGPREPASA GGSGPAPAPA VSCHHHPAPA PAAAPPAQNS GCPAAGRPP120  
ASRHLLGPGP QTAPGRPPPP GRGRPRSHCL HGR 153

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 533

45 (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 533:

5

YDQALHLHV GQPPRRFPG LCTQRAHGRH WELILHQKLF ISESEDVGDG GRLVVQAEAG 60  
EQQEQQGRWCG TPLLPRVAE ALSRLAHRVD EAHDEALTD LTAELTPEVG LVGEGHLFGG120  
EKVHCCQRL NVAQDGAGHI GQQLGQARAL LPSHARCCQR LADVCQAAQE GRPETLQVVA180  
QALAGHSFHD LRGSVCEPGS GQQGPSPOA PVEAVQRPHQ Q 221

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 534

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 534:

30

PSILIPMPG GFFSVMVRAK TGSTHRCSPA VYPLMRRIPC WRILIGRQET TG 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 535

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 535:

50

AGKKPPASHH KESGCPSRPS PTGHSTPPSD PLTDNSVW

38

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 533:

5

YDQALHLHV V GQPPRRFPG LCTQRAHGRH WELILHQKLF ISESEDVGDG GRLVVQAEAG 60  
EQQEQRWCG TPLLPRVAE ALSRLAHRVD EAHDEALTD T LTAELTPEVG LVGEGHLFGG120  
EKVHCCQRGL NVAQDGAGHI GQQLGQARAL LPSHARCCQR LADVCQAAQE GRPETLQVVA180  
QALAGHSFHD LRGSVCEPGS GQQGPGSPQA PVEAVQRPHQ Q 221

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 534

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 534:

PSILIPMTPG GFFSVMVRK TGSTHRCSPA VYPLMRRI PC WRILIGRQET TG 52

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 535

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 535:

50

AGKKPPASHH KESGCP SRPS PTGHSTPPSD PLTDNSVW

38

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 536

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 536:

SGCVPSHEED SMLEDHRQA RNHRLVIIRN PVVHLGQAPL ATPHRPQIRS LTIQS 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 537

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 537:

TRGPRKRLRR SGRRGGLRSW AGRERVLGTA LLGIYIVFPR IPGSGSEEAV TPYDRRLDS 60  
RNSPQAPAGQ STTSSSFCFC DGLESRGLKH TVSIDCIRFV QKPGQLTESH FLA 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 538

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 536

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 536:

SGCVPSHEED SMLEDHRQA RNHRLVIIRN PVVHLGQAPL ATPHRPQIRS LTIQS 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 537

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 537:

TRGPRKRLRR SGRRGGLRSW AGRERVLGTA LLGIYIVFPR IPGSGSEEAV TPYDRRLDS 60  
RNSPQAPAGQ STTSSFCFC DGLESRLKH TVSIDCIRFV QKPGQLTESH FLA 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 538

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 538:

10 EPADSQARGR QCLLLHQQVQ GIWLKACIFP GHKLPEPLKW EARQFQTNLF STHHSTFKVC 60  
LLLLPVHPPS LQFFHSLTSE RVPGGSMVNK LTCMLQKKKK K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 539

15 (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 539:

30 YSLCSQCVSA PLTLNRHRSR RKRKWWIAQL EPGDCYDCLD LCGHRASQPP QTLSLECGGT 60  
QCRFPGLSP RPSPCPPSSS GLLFYRFFLV SFLGLLFTEG TAALGFLVTS ALLGSDGSAS120  
ASWDLGMGT MASTQMSWK APRKSPYRSR FSRKVGSGTS GGEKSRSEAM AQVACCLTSL180  
LTHHSLEPTP APPRRSPR 198

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 540

40 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 540:



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 538:

10 EPADSQARGR QCLLLHQVQ GIWLKACIFP GHKLPEPLKW EARQFQTNLF STHSTFKVC 60  
LLLLPVHPPS LQFFHSLTSE RVPGGSMVNK LTCMLQKKKK K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 539

15 (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 539:

30 YSLCSQCVSA PLTLNRHRSR RKRKWWIAQL EPGDCYDCLD LCGHRASQPP QTLSLECGGT 60  
QCRFPGGLSP RPSPCPPSSS GLLFYRFFLV SFLGLLFTEG TAALGFLVTS ALLGSDGSAS120  
ASWDLGMGT MASTQMSWK APRKSPYRSR FSRKVGSGTS GGEKSRSEAM AOVACCLTSL180  
LTHHSLEPTP APPRRSPR 198

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 540

40 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 540:

KKNSSALIFL EEAADFGCQI SLRNGHFLRC FFLTESVDKL IKRLSHFKIT PKSSSTVFFF 60  
 FSFCFKITNQ VRSPTSSSMN SFVTELLSVC SPHCALNTVS AAPVCPLFRK ESIFNTFTIC120  
 TPWNLHMLTS YYKPTHPQLS SGTGHPL 147

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 541

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 541:

KNDRFPWTSI PGLKGALIKL FTEHVAEKHI YGLMPLLEA QSTPFQVTPS TMANIVKGLY 60  
 TLRPEWVQMA PTLFSKFIPN ILPPAVESEL SEYAAQDQKF QRELIQNGFT RGDQSRKRAG120  
 DELAYNSSSA CASSRGYR 138

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 542

30

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 542:

45

KACIPSDQSG FRWLQLYFLN LFQTFSLRRW NLNFLNMLLK IRNFKENLYR MVLQGVTSFG 60  
 RELGMSWLII ARQHVQVPGG TDSECIEYAF LPEKRTHWSC RDCIQSTVGA AHTQELCHKA120  
 VHGRGCWTSY LVCNFKTKTK KKKNSAARLG GDFEMGQSFN EFIYRFCEEK ASQKVTISK 179

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 543

KKNSSALIFL EEAADFGCQI SLRNGHFLRC FFLTESVDKL IKRLSHFKIT PKSSSTVFFF 60  
 FSFCFKITNQ VRSPTSSSMN SFVTELLSVC SPHCALNTVS AAPVCPLFRK ESIFNTFTIC120  
 TPWNLHMLTS YYKPTHPLS SGTGHPL 147

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 541

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 541:

KNDRFPWTSI PGLKGALIKL FTEHVAEKHI YGLMPLLEA QSTPFQVTPS TMANIVKGLY 60  
 TLRPEWVQMA PTLFSKFIPN ILPPAVESEL SEYAAQDQKF QRELIQNGFT RGDQSRKRAG120  
 25 DELAYNSSSA CASSRGYR 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 542

30

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 542:

45

KACIPSDQSG FRWLQLYFLN LFQTFSLRRW NLNFLNMLLK IRNFKENLYR MVLQGVTSFG 60  
 RELGMSWLII ARQHVQVPGG TDSECIEYAF LPEKRTHWSC RDCIQSTVGA AHTQELCHKA120  
 VHGRGCWTSY LVCNFKTKTK KKKNSAARLG GDFEMGQSFN EFIYRFCEEK ASQKVTISK 179

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 543

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 543:

IQFLEAAFAV FLHCMRFGNE CRNLLWAFTE LCQFGFYCLN LMLTWRGDGG QCCCGASSES60  
VCGELCCADV AVGGQVRGSA PSWKKSLRV YV 92

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 544

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 544:

KPNWHRKVNA HSKFLHSFPN RIQCKKTAKA ASRNCIYWPL PEQQAAMPAP WPPELDACCA60  
DVLTLMRMLG YGSDSEEIHL SYSSLERSSC VFNMKHFIW 99

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 545

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 543:

IQFLEAAFAV FLHCMRFNE CRNLLWAFTE LCQFGFYCLN LMLTWRGDGG QCCCGASSES60  
VCGELCCADV AVGGQVRGSA PSWKKSLRV YV 92

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 544

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 544:

KPNWHRKVNA HSKFLHSFPN RIQCKKTAKA ASRNCIYWPL PEQQAAMPAP WPELDACCA60  
DVLTLMRMLG YGSDSEEIHL SYSSLERSSC VFNMKHFIW 99

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 545

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 545:

QSQNTKVFVP IRIYTDPLTK VLLIMQFASS PSSWLGSSPI WHDHIKRTPS DMISSKKVPS60  
LLPDHQRP HQ HNTTLRIQIH CWP HNSTVPH LLSRSA 96

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 546

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 546:

GRDAGQSEPW LSTSGCCAWG GCAPGARGCW GPGPPSLGVG RKP GCRVSAS SVPERWIAWS 60  
PRPSEASATF RGAPKSILTA RLWASAWRPQ HRGSQNERPW SSSMKTSG 108

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 547

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 547:

PGRRAKRAMA VYVGMLRLGR LCAGSSGV LG ARAALSRSWQ EARLQGV RFL SSREVD RMVS 60  
TPIGGLSYVQ GCTKKHLNSK TVGQCLETTA QRVPEREALV VLHEDVRLTF AQLKEEW 117

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 548

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 545:

QSQNTKVFVP IRIYTDPLTK VLLIMQFASS PSSWLGSSPI WHDHIKRTPS DMISSKKVPS60  
LLPDHQRP HQ HNTTLRIQIH CWPHNSTVPH LLSRSA 96

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 546

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 546:

GRDAGQSEPW LSTSGCCAWG GCAPGARGCW GPGPPSLGVG RKPGRVSAS SVPERWIAWS 60  
PRPSEASATF RGAPKSILTA RLWASAWRPQ HRGSQNERPW SSSMKTSG 108

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 547

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 547:

PGRRAKRAMA VYVGMLRLGR LCAGSSGVLG ARAALSRSWQ EARLQGVRL SSREVDMMVS 60  
TPIGGLSYVQ GCTKKHLNSK TVGQCLETTA QRVPEREALV VLHEDVRLTF AQLKEEW 117

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 548

- 5 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 548:

20 PILLLELGKGQ PDVFMEDDQG LSFWDPLCCG LQALAHSLAV KMLFGAPLNV AEASDGRGDH 60  
AIHLSGTEEA DTLQPGFLPT PREGGPGPQH PRAPGAQPPQ AQHPDVDSHG SLCPASR 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 549

- 25 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 549:

40 RLSGPAANPR GAAGWRAAGA QELGMSYKPM RPWLPSSTPW SARHPLGPGA PRFPDREACA60  
CAVRGCSV 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 550

- 45 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja



- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 548:

PLLLELGKGQ PDVFMEDDQG LSFWDPLCCG LQALAHSLAV KMLFGAPLNV AEASDGRGDH 60  
AIHLSGTEEA DTLQPGFLPT PREGGPGPQH PRAPGAQPPQ AQHPDVDSHG SLCPASR 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 549

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 549:

RLSGPAANPR GAAGWRAAGA QELGMSYKPM RPWLPSSTPW SARHPLGPGA PRFPDREACA60  
CAVRGCSV 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 550

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 550:

10 GHCSPPARRTR TPPCQGTGVP RAPGGAWQTR GCCWAARGAW VCRTSPTPGR QRHASRPLL60  
GWLGRSA 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 551

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 551:

30 DTAAPHGARA RLPVREPGCP GPQGVPRPG GAAGQPGAHG FVGHPQLLGA SGTPAGRSSG60  
VGCGAAQP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 552

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 552:

50

SPISITETQQ FSNLIHTIT CLLRMALYLF SL

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 550:

10 GHCSFARRTR TPFCQGTGVP RAPGGAWQTR GCCWAARGAW VCRTSPTPGR QRHASRPLL60  
GWLGRSA 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 551

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 551:

30 DTAAPHGARA RLPVREPGCP GPQGVFGRPG GAAGQPGAHG FVGHPQLLGA SGTPAGRSSG60  
VGCGAAQP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 552

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 552:

50

SPISITETQQ FSNLIHTIT CLLRMALYLF SL

32

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 553

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 553:

20 ITLQPI SQNM FLLLNTQLF YLCVLFMPDH QYQ 33

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 554

- 25 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 554:

40 SFYFGWSHYN ENKYNAILNR QVMVCIKLLL NCCVSVIDIG DQA 43

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 555

- 45 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 553

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 553:

20 ITLQPI SQNM FLLLNNTQLF YLCVLFMPDH QYQ 33

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 554

- 25 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 554:

40 SFYFGW SHYN ENKYNAILNR QVMVCIKLLL NCCVSVIDIG DQA 43

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 555

- 45 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 555:

10 CFTHWNVFPR LWMTSFLMER VQEGWKTPGF KLSIPHMGFS IIFRPEAARP EVRLHLSALF60  
VLLLATLGFL LGTMCGCGMC EQKGG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 556

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 556:

30 FNDGKTWQLK KTLVTNGGFL LFFPHPPFCS HMPQPHMVPS RNPKVARSS KRAKCRRTS 60  
GRAASGLKMI EKPMWGMLSL NPGVFHPSWT LSIRKEVIHN RGKTFQ 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 557

35 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 557:

50 NINYIEIIFL FLLISPLGP HRLSPAQLAQ LAQLAHSPQV SRRHRALTMV GWHGVSNNAN 60  
SSHHPHPHSP SQRPLVVGPA VFQKGLTCTN LRQTYAPFSV SLASPSWED 109

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 555:

10 CFTHWNVFPR LWMTSFLMER VQEGWKTPGF KLSIPHMGFS IIFRPEAARP EVRLHLSALF60  
VLLLATLGFL LGTMCGCCMC EQKGG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 556

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 556:

30 FNDGKTWQLK KTLVTNGGFL LFFPHPPFCS HMPQPHMVPS RNPKVARSSST KRADKCRRTS 60  
GRAASGLKMI EKPMWGMLSL NPGVFHPSWT LSIRKEVIHN RGKTFQ 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 557

35 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 557:

50

NINYIEIIFL FLLISPLGP HRLSPAQLAQ LAQLAHSPQV SRRHRALTMV GWHGVSNNAN 60  
SSHHPHPHSP SQRPLVVGPA VFQKGLTCTN LRQTYAPFSV SLASPSWED 109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 558

- 5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 558:

20 LGIFVAYRNQ LGVPSLMRCS WKAIYARGGF TFVAPPFIDP SAFKKLECEN 50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 559

- 25 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 559:

40 FRLPFLTWHF CSLQEPAWCT FSYEMQLESH LCKRWFHFCR SSIH 44

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 560

- 45 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 558

- 5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 558:

20 LGIFVAYRNQ LGVPSLMRCS WKAIYARGGF TFVAPPFIDP SAFKKLECEN 50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 559

- 25 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 559:

40 FRLPFLTWHF CSLQEPAWCT FSYEMQLESH LCKRWFHFCR SSIH 44

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 560

- 45 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 560:

10 RVNEWRSKDS ETTSCINGFP AASHKRRYTK LVPVSYKNAK LRMGV

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 561

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

30 MRSRLPCEGL VARHPRELRV PSVRFWIDWP WVLV

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 562

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

50 VSTHGQSIQK RTEGTRSSRG CRATSPSHGN RLLIQESFPQ NPPRARFQGH PLGRQSRQQP60  
FTEAMSQ

67

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 560:

10 RVNEWRSDKS ETTSCINGFP AASHKRRYTK LVPVSYKNAK LRMGV

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 561

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

30 MRSRLPCEGL VARHPREL RV PSVRFWIDWP WVL T

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 562

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

50 VSTHGQSIQK RTEGTRSSRG CRATSPSHGN RLLIQESFPQ NPPRARFQGH PLGRQSRQQP60  
FTEAMSQ

67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 563

- 5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

20 APMASQSRSA LRARVAHAGA VPPALHTAID SSFRNHFLKT HQGLGSKGTR 50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 564

- 25 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

40 YSIIFEQFFK CKSVSYSECV SEVIKDISQR YWPISLCNQR NSVSRLLLCV ICGS 54

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 565

- 45 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 563

- 5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

20 APMASQSRSA LRARVAHAGA VPPALHTAID SSFRNHFLKT HQGLGSKGTR 50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 564

- 25 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

40 YSIIFEQFFK CKSVSYSECV SEVIKDISQR YWPISLCNQR NSVSRLLLCV ICGS 54

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 565

- 45 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

10 CTMVNVNDNTV SFLSSFLNVN LYLTQSVCLK LLRTFPNVTG PFPFVIRGIL FQDYCCV 57

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 566

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

30 EKCQPHSLIL LWPFNFILIK SHRSHTTIIL KQNSSDYKGK WASNVGKCP 49

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 567

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

50

GEGRVWNPEG SKSRHWPDPH APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

10 CTMVNVDNTV SFLSSFLNVN LYLTQSVCLK LLRTFPNVTG PFPFVIRGIL FQDYCCV 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 566

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

30 EKCQPHSLIL LWPFFNFIK SHRSHTTIIL KQNSSDYKKG WASNVGKCP 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 567

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

50

GEGRVWNPEG SKSRHWPDP APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60

IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP

94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 568

- 5 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

20

GLTLKKGTFF RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDFLI SWNAFQDWKS60  
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK

89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 569

25

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

DVLDLNLWDG ESSMTGTRGE FSCLFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60  
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS

89

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 570

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: lin ar

50



IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP

94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 568

- 5 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

20 GLTLKKGTFF RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDELI SWNAFQDWKS60  
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 569

- 25 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

40 DVLDSLWWDG ESSMTGTRGE FSCLFPPGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60  
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 570

- 50 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

KSIAHSVIGY FHDFKWFYEE TESSDDVEVL TLKKFKGDLA YRRQEYQVEF NIWCLKWALV60  
LSVMAYVNNNS VPS

73

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 571

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

SADSQEIQRR PGLQTTRVSG RIQHMVLEVG SCFISYGICK

40

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 572

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

KSIAHSVIGY FHDFKWFYEE TESSDDVEVL TLKKFKGDLA YRRQEYQVEF NIWCLKWALV60  
LSVMAYVNNS VPS

73

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 571

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

SADSQEIQRR PGLQTRVSG RIQHMVLEVG SCFISYGICK

40

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 572

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

NKSPLQAPYV EFYLILLSSV GQVSFEFLES QHFNIIITAF C FFIKPLEIMK IAYYRVSYAF60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 573

5

- (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

GNLSLES LCN LYNWRYKNLG NLPHVQLLPE FSTANAGLLY DFQLINVEDF QGVGESEPNP 60  
YFYQNLGEAE YVVALFMYMC LLGYPADKIS ILTTYNGQKH LIRDIINRRC GNNPLIGRPN120  
KVTTVDRFQG QQNDYILLSL VRTRAVGHLR DVRRLLVVAMS RARLGLYIFA RVSLFQNCFE180  
25 LTPAFSQLTA RPLHLHIPT EPFPTTRKNG ERPSHEVQII KNMPQMANFV YNMYMHLIQT240  
THHYHQTL LQ LPPAMVEEGE EVQNQETELE TEEAMTVQA DIIPSPTDTS CRQETPAFER300  
ESRPGGEGAI ALGGLGCF 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 574

30

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

KTPKPPQRNC PFPTGAALTL KGWSFLTAAG VCWTGYDVSL NSHGLFFCFQ LCFLILNFLT60  
LFYHSRW 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 575

NKSPLQAPYV EYFILLSSV GQVSFEFLES QHFNIIITAF C FFIKPLEIMK IAYYRVSYAF60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 573

5

- (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

GNLSLES LCN LYNWRYKNLG NLP HVQLLPE FSTANAGLLY DFQLINVEDF QGVGESEPNP 60  
YFYQNLGEAE YVVALFMYMC LLGYPADKIS ILTTYNGQKH LIRDIINRRC GNNPLIGRPN120  
KVTTVDRFQG QQNDYILLSL VRTRAVGHLR DVRRLLVVAMS RARLGLYIFA RVSLFQNCFE180  
25 LTPAFSQLTA RPLHLHIPT EPFPTTRKNG ERPSHEVQII KNMPQMANFV YNMYMHLIQT240  
THHYHQTLQ LPPAMVEEGE EVQNQETELE TEEAMTVQA DIIPSPTDTS CRQETPAFER300  
ESRPGGEGAI ALGGLGCF 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 574

30

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

KTPKPPQRNC PFPTGAALTL KGWSFLTAAG VCWTGYDVSL NSHGLFFCFQ LCFLILNFLT60  
LFYHSRW 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 575

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

SLMIMCSLY QMHVHVYKV CHLGIFYYL YFMRWSLSIL SSSWERFCWN YMOMKGASCE 60  
LTESWSQFKT VLEEGYSGED IKSKSGSRHG HYQATDIPQM AHCPGSYQRK KNIVILLTLK120  
SINSCHLVWS SNQWIVSTSS IDDVANKMLL AIICC 155

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 576

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 576:

DHLGFISTKM RTNHGVRKGS LEEHKNLAL GGYHYYISYF HRSDLAKLCI LSLLTFI 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 577

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

SLMIMMCSLY QMHVHVYKV CHLGHIFYYL YFMRWSLSIL SSSWERFCWN YMOMKGASCE 60  
LTESWSQFKT VLEEGYSGED IKSKSGSRHG HYQATDIPQM AHCPGSYQRK KNIVILLTLK120  
SINSCHLVWS SNQWIVSTSS IDDVANKMLL AIICC 155

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 576

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 576:

DHLGFISTKM RTNHGVRKGS LEEHKNLAL GGYHYYISYF HRSDLAKLCI LSLLTFI 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 577

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

FKFFLMTIFL QNFERKMCSF CCILCKKTAN RGRRTLQIKT ILVSFPQR

48

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 578

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

LYFFKTLKEK CVLFAASFVR RLPTEEKGLY KLRPSWFHFH KDENKSWC

30

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 579

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

GSFPNTMICS HLCGNETKMV LICKVLFPLL AVFLQRMQQK EHIFLSKF

50

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 580



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

FKFFLMTIFL QNFERKMCSF CCILCKKTAN RGRRTLQIKT ILVSFPQR

48

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 578

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

LYFFKTLKEK CVLFAASFVR RLPTEEKGLY KLRPSWFHFH KDENKSWC

30

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 579

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

GSFPNTMICS HLCGNETKMV LICKVLFPLL AVFLQRMQQK EHIFLSKF

50

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 580

- 5 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

HCRILQGLSP LVGREKTTQV MRNFYSFQEL EEQLLIKFA LVTKYFYS

48

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 581

- 25 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

IMPRAPLYRI PLNCNYVLLK SQLVKEELMV SVFVGNTCNT AEFYKGFLW WAGKKPLKS 59

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 582

- 45 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 5 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:  
HCRILQGLSP LVGREKTTQV MRNFYSFQEL EEQLLIKPHA LVTKYFYS 48

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 581

- 25 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

IMPRAPLYRI PLNCNYVLLK SQLVKEELMV SVFVGNTCNT AEFYKGFLW WAGKKPLKS 59

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 582

- 45 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

GTLRPRSSDV LPIYLCFTTC LLSLTPNIFT YFSNSACHKF AASP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 583

10

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

NVDSQQTHSL ALIPPLLSSS DIVNNDKQLL CTECFMCCS HFIHMY

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 584

30

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

LYMCIKCEQH IKKHSVHSSC LSLLTISLLE RRGGIRARLC V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 588

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

GTLRPRSSDV LPIYLCFTTC LLSLTPNIFT YFSNSACHKF AASP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 583

10

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

NVDSQQTHSL ALIPPLLSSS DIVNNDKQLL CTECFMCCS HFIHMY

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 584

30

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

LYMCIKCEQH IKKHSVHSSC LSLLTISLLE RRGGIRARLC V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 588

50

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

GRKPLVLHATP LSRCLPLHP TRSLILRPSL HSDPSFHYY LQRCYYAPV YRGCPTMTVP 60  
SQSNYSYGPK VWLSRAPLPR RGRPFQALPG WNCRRSLGC IVRPGVGVAS LL 112

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 589

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

GRSREAPAGW PKSTKPPSAR ENPWFSMPHL SPGALCLFTP QEALSYVLLS IYRTPVSITI 60  
SRDVAIMRPS TGGARR 76

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 590

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

GKPLVLHATP LSRCLPLHP TRSLILRPSL HSDPSFHYY LQRCYYAPV YRGCPTMTVP 60  
SQSNYSSGPK VWLSRAPLPR RGRPFQALPG WNCRRSLGC IVRPGVGVAS LL 112

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 589

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

GRSREAPAGW PKSTKPPSAR ENPWFSMPHL SPGALCLFTP QEALSYVLLS IYRTPVSITI60  
SRDVAIMRPS TGGARR 76

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 590

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

AGLDQKEELR GVRQHQQGV RYTRGSSDTS SSPEGLGMAC HAGAMERVKA KPWDPKSNLT60  
AKAPSSSGTP CRRAHNSYIS GDSDGNWGPI DGEKDVG 97

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 591

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

NGARLTSQPQ LYQRNHFIQI SQHFQRNTNV YGRVNIRSEN PLEEISVSMF IISAFRGLPV60  
WAK 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 592

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

NGSFGTVGAV MSTWLHKNP YEIFTVKFNY TCVTADFGGR QGLGLPFYLS

50

50



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

AGLDQKEELR GVRQHQHGV RYTRGSSDTS SSPEGLGMAC HAGAMERVKA KPWDPKSNLT60  
AKAPSSSGTP CRRAHNSYIS GDSDGNWGPI DGEKDVG 97

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 591

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

NGARLTSQPPQ LYQRNHFIQI SQHFQRNTNV YGRVNIRSEN PLEEISVSMF IISAFRGLPV60  
WAK 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 592

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

NGSFGTVGAV MSTWLHKNP YEIFTVKFNY TCVTADFGGR QGLGLPFYLS

50

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 593

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

AYLFIFLKGK NTTFSSSPE AQTLTYLTTS QLTPLCDHQC GVVRLKDDSG HMTSL 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 594

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

SGDVCTESHG GLSRVKEKEQ QELSLGRWRR GGIDQARPWP W 41

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 595

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 593

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

AYLFIFLK GK NTTFSSSPE AQTLlyLTTS QLTPLCDHQC GVVRLKDDSG HMTSL 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 594

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

SGDVCTESH C GLSRVKEKEQ QELSLGRWRR GGIDQARPWP W 41

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 595

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

FKVGLWKGDI VEGEAVLYT YKWYTPFIHG GQRSSDQVTV VQKVTVA

47

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 596

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

SVLTTSQRLS SHFKSQIPTR AKVLLDLFHP FSTLSSTLA APSP

44

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1651 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 597

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

FKVGLWKGDI VEGEAVLYT YKWYTPFIHG GQRSSDQVTY VQKVTVA

47

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 596

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

SVLTTSQRLS SHFKSQIPTR AKVLLDLFHP FSTLSSTLA APSP

44

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1651 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 597

5 GAGCTGCCAA GCAGCCCACC TCCTGGGCTT CCCGAAGTGG CCCCAGATGC AACCTCCACT 60  
 GGCCTCCCTG ATACCCCCGC AGCTCCAGAA ACCAGCACCA ACTACCCAGT GGAGTGCACC 120  
 GAGGGGTCTG CAGGCCCCCA GTCTCTCCCC TTGCCTATTC TGGAGCCGGT CAAAAACCCC 180  
 TGCTCTGTCA AAGACCAGAC GCCACTCCAA CTTTCTGTAG AAGATACCAC CTCTCCAAAT 240  
 ACCAAGCCGT GCCCACCTAC TCCCACCACC CCAGAAACAT GGGGGGGGGG GGGGGGGGGG 300  
 GCGCCGTCAT CTACTCCTTG TTCAGCTCAC CTGACCCCTT CCTCCCTGTT CCCTTCCTCC 360  
 CTGGAATCAT CATCGGAACA GAAATTCTAT AACTTTGTGA TCCTCCACGC CAGGGCAGAC 420  
 GAACACATCG CCCTGCGGGT TCGGGAGAAG CTGGAGGCC TGGCGTGCC CGACGGGGCC 480  
 10 ACCTTCTGCG AGGATTTCCA GGTGCCGGGG CGCGGGGAGC TGAGCTGCCT GCAGGACGCC 540  
 ATAGACCACT CAGCTTTTCT CATCCTACTT CTCACCTCCA ACTTCGACTG TCGCCTGAGC 600  
 CTGCACCAGG TGAACCAAGC CATGATGAGC AACCTCACGC GACAGGGGTC GCCAGACTGT 660  
 GTCATCCCCT TCCTGCCCCCT GGAGAGCTCC CCGGCCAGC TCAGTCCGA CACGGCCAGC 720  
 CTGCTCTCCG GGCTGGTGCG GCTGGACGAA CACTCCAGA TCTTCGCCAG GAAGGTGGCC 780  
 15 AACACCTTCA AGCCCCACAG GCTTCAGGCC CGAAAGGCCA TGTGGAGGAA GGAACAGGAC 840  
 ACCCGAGCCC TCGGGGAACA GAGCCAACAC CTGGACGGTG AGCGGATGCA GCGGCGGCA 900  
 CTGAACGCAG CCTACTCAGC CTACCTCCAG AGCTACTTGT CCTACCAGGC ACAGATGGAG 960  
 CAGCTCCAGG TGGCTTTTGG GAGCCACATG TCATTGGGA CTGGGGCGCC CTATGGGGTC 1020  
 AGAATGCCCT TTGGGGGCCA GGGGCCCTG GGAGCCCCGC CACCCTTTCC CACTTGCCG 1080  
 20 GGGTGCCCGC AGCCGCCACC CCTGCACGCA TGGCAGGCTG GCACCCCCC ACCGCCCTCC 1140  
 CCACAGCCAG CAGCCTTTCC ACAGTCACTG CCCTTCCCGC AGTCCCCAGC CTCCCTACG 1200  
 GCCTACCCG CACCCCTCA GAGCCAGGG CTGCAACCCC TCATTATCCA CCACGCACAG 1260  
 ATGGTACAGC TGGGGCTGAA CAACCATAG TGGAAACAGA GAGGGTCCA GGCGCCGAG 1320  
 GACAAGACGC AGGAGGCAGA ATGACCGCGT GTCCTTGCTT GACCACCTGG GGAACACCC 1380  
 25 TGGACCCAGG CATCGGCCAG GACCCCATAG AGCACCCCG TCTGCCCTGT GCCCTGTGA 1440  
 CAGTGAAGA TGAGGTATC TGCCACTTTC AGGACATTGT CCGGGAGCCC TTCATTTAGG 1500  
 ACAAAACGGG CGCGATGATG CCCTGGCTTT CAGGGTGGTC AGAACTGGAT ACGGTGTTT 1560  
 CAATTCCAAT CTCTCTATT CTGGGTGAAG GGTCTTGGTG GTGGGGGTAT TGCTACGGT 1620  
 30 TTTTAATTAT AATAAATATT TATTGAATGC T 1651

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 3304 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 598

55

AAACCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60  
 AGAGTGCAGC GGCAGGCCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120  
 ATGGAACCTC CTTCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180

GAGCTGCCAA GCAGCCCACC TCCTGGGCTT CCCGAAGTGG CCCCAGATGC AACCTCCACT 60  
 GGCCTCCCTG ATACCCCCGC AGCTCCAGAA ACCAGCACCA ACTACCCAGT GGAGTGCACC 120  
 GAGGGGTCTG CAGGCCCCCA GTCTCTCCCC TTGCCTATTC TGGAGCCGGT CAAAAACCCC 180  
 5 TGCTCTGTCA AAGACCAGAC GCCACTCCAA CTTTCTGTAG AAGATACCAC CTCTCCAAAT 240  
 ACCAAGCCGT GCCCACCTAC TCCCACCACC CCAGAAACAT GGGGGGGGGG GGGGGGGGGG 300  
 GCGCCGTCAT CTACTCCTTG TTCAGCTCAC CTGACCCCTT CCTCCCTGTT CCCTTCCTCC 360  
 CTGGAATCAT CATCGGAACA GAAATTCTAT AACTTTGTGA TCCTCCACGC CAGGGCAGAC 420  
 GAACACATCG CCCTGCGGGT TCGGGAGAAG CTGGAGGCCC TTGGCGTGCC CGACGGGGCC 480  
 10 ACCTTCTGCG AGGATTTCCA GGTGCCGGGG CGCGGGGAGC TGAGCTGCCT GCAGGACGCC 540  
 ATAGACCACT CAGCTTTTCAT CATCCTACTT CTCACCTCCA ACTTCGACTG TCGCCTGAGC 600  
 CTGCACCAGG TGAACCAAGC CATGATGAGC AACCTCACGC GACAGGGGTC GCCAGACTGT 660  
 GTCATCCCCT TCCTGCCCCCT GGAGAGCTCC CCGGCCAGC TCAGCTCCGA CACGGCCAGC 720  
 CTGCTCTCCG GGCTGGTGCG GCTGGACGAA CACTCCAGA TCTTCGCCAG GAAGGTGGCC 780  
 15 AACACCTTCA AGCCCCACAG GCTTCAGGCC CGAAAGGCCA TGTGGAGGAA GGAACAGGAC 840  
 ACCCGAGCCC TCGGGGAACA GAGCCAACAC CTGGACGGTG AGCGGATGCA GGCGGCGGCA 900  
 CTGAACGCAG CCTACTCAGC CTACCTCCAG AGCTACTTGT CCTACCAGGC ACAGATGGAG 960  
 CAGCTCCAGG TGGCTTTTGG GAGCCACATG TCATTGGGA CTGGGGCGCC CTATGGGGTC1020  
 AGAATGCCCT TTGGGGGGCA GGGGCCCTG GGAGCCCCGC CACCCTTTCC CACTTGGCCG1080  
 20 GGGTGCCCGC AGCCGCCACC CCTGCACGCA TGGCAGGCTG GCACCCCCC ACCGCCCTCC1140  
 CCACAGCCAG CAGCCTTTCC ACAGTCACTG CCCTTCCCGC AGTCCCCAGC CTTCCTACG1200  
 GCCTCACCCG CACCCCTCA GAGCCAGGG CTGCAACCCC TCATTATCCA CCACGCACAG1260  
 ATGGTACAGC TGGGGCTGAA CAACCATAG TGGAAACCAGA GAGGGTCCCA GCGCCCCAG1320  
 GACAAGACGC AGGAGGCAGA ATGACCGCGT GTCCTTGCTT GACCACCTGG GGAACACCCC1380  
 25 TGGACCCAGG CATCGGCCAG GACCCCATAG AGCACCCCG TCTGCCCTGT GCCCTGTGGA1440  
 CAGTGGAAGA TGAGGTCATC TGCCACTTTC AGGACATTGT CCGGGAGCCC TTCATTTAGG1500  
 ACAAACGGG CGCGATGATG CCCTGGCTTT CAGGGTGGTC AGAACTGGAT ACGGTGTTTA1560  
 CAATTCCAAT CTCTTATTT CTGGGTGAAG GGTCTTGGTG GTGGGGGTAT TGCTACGGTC1620  
 30 TTTTAATTAT AATAAATATT TATTGAATGC T 1651

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 3304 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 598

AAACCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60  
 AGAGTGCAGC GGCAGGCCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120  
 ATGGAACCTC CTTCTCACT CAGCTTCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180

AATTTTGTCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTACACG 240  
 TGATGCCCCG GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300  
 TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360  
 GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420  
 5 GCTCCACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480  
 GCCAGGCGCC CGCCAACTGG TACAATGACA CCTACCCCTT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540  
 CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600  
 AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660  
 GGGACAAGGT GGGCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720  
 10 AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780  
 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840  
 TTCTGTCCGA CGGCGACGCG ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900  
 AGGACGAGCG TCTGTACGTG GCGCGCCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960  
 TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCAGT 1020  
 15 AGAAGTGGGT GTCCAACTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA 1080  
 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCCTGCCGC 1140  
 GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC 1200  
 TGCTGAGCGC CTCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC 1260  
 CCACTCACGG CTTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTGTGG 1320  
 20 CCCTCAAATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTAG 1380  
 ACGGGCGCTT CCTGTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT 1440  
 TCATTAACT CAAAACGGAA AACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC 1500  
 AAGAGGAGTG CACTTTTGTT TTGTTTTGTT CTTTTTGAA CTGTGCCTGG GTTGGAGGTC 1560  
 TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA 1620  
 25 CGGAGGCCGC GGTCTGAAT GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACTTC 1680  
 AGGCATTGAC TCAAGGCCTG CCTAACTGGC TGGGTGCTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC 1740  
 TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTCACTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG 1800  
 CCCTATGCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC 1860  
 AGGTCAACCC CTTTCTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG 1920  
 30 ATCCTTGGGG AAGAAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCGAG 1980  
 GCCCCTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTTG 2040  
 GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT 2100  
 TCAAGAAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTAA ATTATTAACC TGCTTTAATT 2160  
 AAAGCAGTTT CTTTCTTAT AAAGTGGAA CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC 2220  
 35 TGTAATTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GCGGCTGGT 2280  
 GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTCTTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTG 2340  
 CCTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCCTTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA 2400  
 ATTTTTTATT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCTGT CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT 2460  
 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTGGCA GGCTCTTCTC TGTGGAACT 2520  
 40 TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGATC TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG 2580  
 GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTCA 2640  
 GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCAACC CTCCTCCTA CCCCACCCG 2700  
 CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCGGA GGGTGCCGCG TCTGGCTGTC CCTGTGCCG 2760  
 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAACT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA 2820  
 45 GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG 2880  
 AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC 2940  
 CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCCTAGAT 3000  
 CATTGTCTTT GATGTCCAGG CTGGGTCATT TAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG 3060  
 GGACTTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC 3120  
 50 ACAGCCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCGA TTACTTTAAA 3180  
 GCTCACCTTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTCC CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTCTTC 3240  
 CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT 3300  
 GGAT 3304

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60



AATTTTGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCCGCTG TCTGTCACGC 240  
 TGATGCCCCG GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300  
 TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360  
 GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420  
 5 GCTCCACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480  
 GCCAGGCGCC CGCCAACCTG TACAATGACA CCTACCCCTT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540  
 CGGTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600  
 AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGGTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660  
 GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720  
 10 AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780  
 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840  
 TTCTGTCCGA CGGCGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900  
 AGGACGAGCG TCTGTACGTG GCGGCGCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960  
 TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG1020  
 15 AGAACTGGGT GTCCAACCTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA1080  
 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCTGCCGC1140  
 GCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC1200  
 TGCTGAGCGC TCCCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTGC1260  
 CCCTCAACATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG1380  
 20 ACGGGCGCTT CCTGTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGATCGAGT1440  
 TCATTTAACT CAAAACGGAA ACACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC1500  
 AAGAGGAGTG CACTTTTGTT TTGTTTTGTT CTTTTTGGAA CTGTGCCTGG GTTGGAGGTC1560  
 TGGACAGGGA GCGCAGTCCC GGGCCCCATA TGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA1620  
 25 CGGAGGCCGC GGTCTGAACT GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACTTC1680  
 AGGCATTGAC TCAAGGCCTG CCTAACTGGC TGGGTGCTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC1740  
 TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTCACTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG1800  
 CCCTATGCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC1860  
 AGGTACCCCC CTTTTCTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG1920  
 30 ATCTTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG1980  
 GCCCCGCGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTTG2040  
 GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100  
 TCAAGAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTAA ATTATTAACC TGCTTTAATT2160  
 AAAGCAGTTT CCTTTCTTAT AAAGTGGAAT CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC2220  
 35 TGAGTTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GCGGCTGGT2280  
 GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTTCCTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTTG2340  
 CCTTTTCTA GGAACGTGCA GAAATCCTCA TGCTTTTCAA GAACTTCTGT AATGACTTGA2400  
 ATTTTTTATT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCTGT CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT2460  
 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTTGCA GGCTCTTCTC TGTGGAAACT2520  
 40 TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGTA TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG2580  
 GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTCACA2640  
 GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCCACC CTCACTCCTA CCCCACCCCG2700  
 CGATCGTCAG GGGTGCCAG GTGGGCCGGA GGGTGCCGGC TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG2760  
 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAAACT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA2820  
 45 GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG2880  
 AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC2940  
 CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCCTAGAT3000  
 CATTGTCCTT GATGTCCAGG CTGGGTCAAT TAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG3060  
 GGACTTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC3120  
 50 ACAGCCGAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTGCGA TTACTTTAAA3180  
 GCTCACCTTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTCC CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTCTTC3240  
 CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT3300  
 GGAT 3304

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

60 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 599

20 GCGGCCGCGC CAGTCTCGCT TCATGACGCA GCCGGTGACC TTCGACGAGA TCCAGGAGGT 60  
GGAGGAGGAG GGGGTGTCCC CCATGGAGGA GGAGAAGGCC AAGAAGTCGT TCCTGCAGAG120  
CCTGGAGTGC CTGCGCCGCA GCACGCAGAG CCTGTGCTG CAGCGGGAGC AGCTCAGCAG180  
CTGCAAACTG AGGAACAGCC TGGACTCCAG CGACTCCGAC TCGGCCCTGT AAGGGGCGCC240  
GCCCCGCGGG GGGACGCGCG CGTCCGCGGT CCGCGCGGG ACCGGCGTGT GAACCCCGAG300  
AGTGCCCGCG CCCTGCTCCC GGGGGACCCG CAAGGACCCG GGACCGCCG TCCTCGCGCG360  
CTCGGACTCC CGCCCCGCTG CGAACC GGTCGCGCCC TCGCCGCGCT CGCCCTGGCC420  
25 CGGGAGCGCC GGGAGCGGG CCGCTTTCCT CGTCCTTGTA AATGTTTATT TTTTAACTCT480  
TCCCAGTGCG AACTCTGCTG TGAGTGTGTG CGGGGAGGCG CGCCCGCGCT GAGTCGGCGG540  
CGGGTAGCCA CTCCATGCCC TTGTCCGATG GTTGTCAACT CCGATTTTGC ACACCGCTCC600  
ACCGTGCCCC CCAGCGCACA CCCATTACACA CTCACGCCAA CACTCTCGCT GAACACTTTT660  
ATAATTGTTA GCGGTGGCCG TTGGGACTTT GGGCGCAGCG CGGCTGCTAC TGCGTCTGGA720  
30 GGATTGATAT TTATTTTTC ATTGCGATGG CTGAAGGCAT TTATTTAACG ATCTTTTAC780  
CTGGATATGT CTGTGAGGCT CCTGAAAGGA GACAAATAAA GTCAATATAT TTGCACAGTG840  
CAAAAAAAAA AAAGAAAGAA AAGAGAAGGT TCGAGAAA 878

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2760 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 599

20 GCGGCCGCGC CAGTCTCGCT TCATGACGCA GCCGGTGACC TTCGACGAGA TCCAGGAGGT 60  
GGAGGAGGAG GGGGTGTCCC CCATGGAGGA GGAGAAGGCC AAGAAGTCGT TCCTGCAGAG120  
CCTGGAGTGC CTGCGCCGCA GCACGCAGAG CCTGTGCTG CAGCGGGAGC AGCTCAGCAG180  
CTGCAAACTG AGGAACAGCC TGGACTCCAG CGACTCCGAC TCGGCCCTGT AAGGGGCGCC240  
GCGCGCGGGG GGGACGCGCG CGTCCGCGGT CCGCGCGGGG ACCGGCGTGT GAACCCCGAG300  
AGTGCCCGCG CCCTGCTCCC GGGGGACCCG CAAGGACCCG GGACCGCCGC TCCTCGCGCG360  
CTCGGACTCC CGCCCCGCTG CGAACC GGTCGCGCCC TCGCCGCGCT CGCCCTGGCC420  
25 CGGGAGCGCC GGGAGCGGGG CCGCTTTCCT CGTCCCTGTA AATGTTTATT TTTAACTCT480  
TCCAGTGC AACTCTGCTG TGAGTGTGTG CGGGGAGGCG CGCCCGCGCT GAGTCGGCGG540  
CGGGTAGCCA CTCCATGCC TTGTCCGATG GTTTGCAACT CCGATTTTGC ACACCGCTCC600  
ACCGTGCCCC CCAGCGCACA CCCATT CACA CTCACGCCAA CACTCTCGCT GAACACTTTT660  
ATAATTGTTA GCGGTGGCCG TTGGGACTTT GGGCGCAGCG CGGCTGCTAC TGCGTCTGGA720  
30 GGATTGATAT TTATTTTGC ATTGCGATGG CTGAAGGCAT TTATTTAACG ATCTTTTAC780  
CTGGATATGT CTGTGAGGCT CCTGAAAGGA GACAAATAAA GTCAATATAT TTGCACAGTG840  
CAAAAAA AAAGAAAGAA AAGAGAAGGT TCGAGAAA 878

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2760 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 600

5 CACCCAACT GTGTTGTTGC CGCCCGGCCC TTNCCTCCAC AGNTCTNCTT NCTNCCGCCC 60  
 GGCACCTCTG TGGACCCCTT NTTAGTTCAC AGGCACGGNT GGGGCCGGTC TGTGCTGGCG 120  
 NCTGCTGGCC ACTGAGGGAC AGGGACACGT GCCACCTGCT CATCTCTGCC CTGAGGTCAC 180  
 CCCGTGGTCC CTCCACGTGC CCATCTCTCT GCAGTGCCCT CCTCGCCTGT GCAGCCCGCC 240  
 CACCCACAGG CTCACCCCTC CTGCCGGCTG CCAGAGGCCC CCTCCAGCAG GGCTCTCTC 300  
 CGTNGCCCA GCTTCACTCT CTCCCTCAGC ACCTGCCCTG CTGGAGGCCC CAGCCCTCCG 360  
 10 TGGACAGCAG GGGCCACGTG GAGCCCGGGC CGCTCACCCG CCACCCAGTG CTGGCCGCCT 420  
 TCTTGGTGCC AAACCCCTT CCCCCACCA GAGACTGGGC AGCTGTGTCT GGTTCGTTCT 480  
 TTGCACTAAC CACATTTGTC ATCTCTAGG CAGGCTGGG CTGCGGGCTG AGGGGGACCG 540  
 CTGGCACCCC CTTCCCTCC CTTCTTGGT CCATTTCCAT CCATGACAGG TACAGCATCC 600  
 CAGGAGCCCG GCCTGAGGGG CTGGACCCGA GCCGGCTGTG AACATCCCTC AGCCCTGCT 660  
 15 GTCCCCCTT GGGACTAACC ACTAACCTCA CCCCCAACT CCACGGGTGC CCCTAGCTGG 720  
 CCCAGAGCCG GCAGTGTGAG CCCAAGTCCG GGCTGGAGCC GAGGCCGGAG CAGCTGTCTG 780  
 GGAGTCAAGG CTGCAGTAGC GTTCTTTCAT GGGGTGCTCC AGGGGGTGCC ACAGACCGAC 840  
 AGGCAGCCCA AGGGCCTGGA CACCCCTCCC CAGGCAGGTG CTGCCCCAGG AGGACTGTCC 900  
 TCGGGAATGA ACCTCCGCG GGCTTTGGC TAGGTCCCT GTGGCCTCG TCTCTCCCC 960  
 20 ATGAAGTGGG AGCGAGGCTC CCAATGGTG CTTTGGCTT TAGTGACGA TGTTTGCTT 1020  
 GCTTCCCGCC GTGGAGGGCA GAGCCACCCC ACATCAGGAT CGGACGTGCT ACCCTCCCG 1080  
 GTCCCGGCC TGGCCAGCC AGCCAGCCC TCGAGGCTCG ATGCCTGTGC CAAGGCCAGG 1140  
 GGCAGCCAGA GGCAGCTGG ATGCCACGT GCAGGGGTCA AGGCTGGGCC CTGCAGTGGG 1200  
 GCGGGCCGCC AGCCCCAGCA GTTACAGAC GCATGGCTCT TCCTCCAGA GCAGCCGCA 1260  
 25 GCTACCTGGA CCGAAATGT CCTCATCCC TCCCTGGGGC CAGGCTCTGC CCTGGCCTTC 1320  
 CTCTGTGAAC CCCTCCTTTC TTTGTGCTGG TGCTGGGAC CAAAAGGGG GAATATGGGA 1380  
 GGGCAGAGTG GGGAGGGGAG TCCATGGGCC TGGGGCCCCA AGCCGGGGCG TCTGAGCTCC 1440  
 CCAGGCATGA CCAAACCTCA GTGGAGGGGC CTCTGCTTCA GGCCCGCCT GGCTGACATT 1500  
 CTGAGCCCC CTGGAGGCC CCGCCACAGC CAACCTGCCC AGTCTTTCCT CTGGGCTGA 1560  
 30 CCCGCCAGGG GAGTTCTCCA GGCTAGGGC CAGGAGAGAG GCCCTGGCAC CCTGGCGTG 1620  
 GTGCCGCCA AACGCCCTGC GACCGCTACA GAAGCACAAA TGCTGTCCAT GGCCGTGAGG 1680  
 CTGCCGTGCA GGTGAATGGA CATAGCGTGA GAGGCGGTGA GGCCAGGGCT TCCAGCCTCG 1740  
 TGCTGTCTCG GGACTCCTGA CCGTGGTGTG CGTGTGTGCC CGTCTGTGAC TTTCTACTCA 1800  
 CCAAGTTGA AGAAAGGAAA CGGGGAAAAT CAAAAGGGGT TCAAACCCCA CCTCAGTAGG 1860  
 35 TGGAGGGGAG CGCTGCCAT TGGTTGTATT TTTGTTCTGA GTTTTCGGTG CCGTGTTCCT 1920  
 AACTACTCCA TCCCATGACC TCGCCACACC TACTGGGGCA TCTGGCTGGT GCCTGTGCC 1980  
 ATGGCCAGCC CCCACTTCTC ACCCTGCACA GGGGGTCTTG CAGCCCCCAG GCCCACAGCC 2040  
 TCGTTGGGAG GACAGGGTGG CCCTGGGGAC AAGAGGGAGG AGCCAGGGG CTTACCTCAC 2100  
 TGAGAGTGCT CCCAGCAGG CATCCACTAC CCCAGGGCCC CCCACATGTC ATGGCAAGGT 2160  
 40 TGGTAGTGAA TGGGCCTGGT TGGGAGCAGC CCCTGGCCCA TTGCCACCC ACCCATCTCA 2220  
 CTATGCAATT CGAGTTCCAA GCAACATTG CTCCTGCCCT GGGGCCAGCT CTGCCCCAGC 2280  
 CCTGAGAGGG GTGGTGAGGC AGCCCCCTGG ACCCCAGAAC CCCAGACAAG GGGGCAGGCG 2340  
 GGGGACCAGG GCCTCTCCTG TGGGATCTTT GTTTTGTGTT TAACCATAAT GGTGTGTAC 2400  
 TGAACCACTT CATATTTGTT ATATATAATA TATATATAA TAATCTCCTT AAGACTCAGC 2460  
 45 CTCCTGGTTT ACCCCCCCGG CCTGGGCATC TGACCTCCCC CACCCAGTG TGATTAAACA 2520  
 TCCAGGAAC GAGGCCTGAA CCATTTTGCA TTTCCCTC CTCCAGCCTC GTAGGGCCA 2580  
 TGGCTGTATG TACTGTGCT GTGTTTTTTT GTTTTTTTAG AACTGGGTTT GGGGGCTGAT 2640  
 TTTTATTTCT TTGGGGGCTT TTTTCTTGG CAAATACTAA AAATCTCGTC AATGTAATTT 2700  
 50 CTGTGGTTTC TATTCAGCTT GGGTTTCATG TTTTAAATA AATTTTAAAA AGCAAAAAA 2760

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einz In n ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 600

5 CACCCAACT GTGTTGTTG CGCCCGGCC TTNCCTCCAC AGNTCTNCTT NCTNCCGCC 60  
 GGCACCTCTG TGGACCCCTT NTTAGTTCAC AGGCACGGNT GGGGCCGGTC TGTGCTGGCG 120  
 NCTGCTGGCC ACTGAGGGAC AGGGACACGT GCCACCTGCT CATCTCTGCC CTGAGGTCAC 180  
 CCGTGGTCC CTCCACGTGC CCATCTCTCT GCAGTGCCCT CCTCGCCTGT GCAGCCGCC 240  
 CACCCACAGG CTCACCCCTC CTGCCGGCTG CCAGAGGCC CCTCCAGCAG GGCTCTCTC 300  
 CGTNGCCCA GCTTCACTCT CTCCCTCAGC ACCTGCCCTG CTGGAGGCC CAGCCCTCCG 360  
 10 TGGACAGCAG GGGCCACGTG GAGCCCGGG CGCTCACCCG CCACCCAGTG CTGGCCGCT 420  
 TCTTGGTGCC AAACCCCTT CCCCCACCA GAGACTGGGC AGCTGTGTCT GGTTCGTTCT 480  
 TTGCAATGAC CACATTTGTC ATCTCTAGG CAGGCTGGGG CTGCGGGCTG AGGGGGACCG 540  
 CTGGCACCCC CCTTCCCTCC CTTCTTGGTT CCATTTCCAT CCATGACAGG TACAGCATCC 600  
 CAGGAGCCCG GCCTGAGGGG CTGGACCCGA GCCGGCTGTG AACATCCCTC AGCCCTGCT 660  
 15 GTCCCCCTT GGGACTAACC ACTAACCTCA CCCCCAACT CCACGGGTGC CCCTAGCTGG 720  
 CCCAGAGCCG GCAGTGTGAG CCCAAGTCCG GGCTGGAGCC GAGGCCGGAG CAGCTGTCTG 780  
 GGAGTCAAGG CTGCAGTAGC GTTCTTTCAT GGGGTGCTCC AGGGGGTGCC ACAGACCGAC 840  
 AGGCAGCCCA AGGCCTGGA CACCCCTCCC CAGGCAGGTG CTGCCCCAGG AGGACTGTCC 900  
 TCGGAATGA ACCTCCCGCG GGCTTTGGAC TGAGGTCCCT GTGGCCTCGG TCTCTCCCC 960  
 20 ATGAAGTGGG AGCGAGGCTC CCCAATGGTG CTTTTGGCTT TAGTGTACGA TGTTTGCTGT 1020  
 GCTTCCCGCC GTGGAGGGCA GAGCCACCCC ACATCAGGAT CGGACGTGCT ACCCTCCCG 1080  
 GTCCCGGCC TGGCCAGCC AGCCAGCCC TCGAGGCTCG ATGCCTGTGC CAAGGCCAGG 1140  
 GGCAGCCAGA GGCAGCTGG ATGCCACGT GCAGGGGTCA AGGCTGGGCC CTGCAGTGGG 1200  
 GCGGGCCGCC AGCCCCAGCA GTTACAGAC GCATGGCTCT TCCTCCAGA GCAGCCGCA 1260  
 25 GCTACCTGGA CCGAAATGT CCTCATCCC TCCCTGGGGC CAGGCTCTGC CCTGGCTTC 1320  
 CTCTGTGAAC CCCTCCTTTC TTTGTGCTGG TGCTGGGAC CAAAAGGGG GAATATGGGA 1380  
 GGGCAGAGTG GGGAGGGGAG TCCATGGGCC TGGGGCCCCA AGCCGGGGCG TCTGAGCTCC 1440  
 CCAGGCATGA CCAAACCTCA GTGGAGGGGC CTCTGCTTCA GGCCCCGCCT GGCTGACATT 1500  
 CTGAGCCCC CTGGAGGCC CCGCCACAGC CAACCTGCCC AGTCTTTCCT CTGGGCTTGA 1560  
 30 CCCGCCAGGG GAGTTCTCCA GGCTAGGGC CAGGAGAGAG GCCCTGGCAC CCTGGCTGG 1620  
 GTGCCGCCA AACGCCCTGC GACCGCTACA GAAGCACAAA TGCTGTCCAT GGCCGTGAGG 1680  
 CTGCCTGCCA GGTGAATGGA CATAGCGTGA GAGGCGGTGA GGCCAGGGCT TCCAGCTCG 1740  
 TGCTGTCTCG GGAATCCTGA CCGTGGTGTG CGTGTGTGCC CGTCTGTGAC TTTCTACTCA 1800  
 CCAAGGTTGA AGAAAGGAAA CGGGGAAAAT CAAAAGGGGT TCAAACCCCA CCTCAGTAGG 1860  
 35 TGGAGGGGAG CGCTGCCAT TGTTGTATT TTTGTTCTGA GTTTTCGGTG CCGTGTTCCT 1920  
 AACTACTCCA TCCCATGACC TCGCCACACC TACTGGGGCA TCTGGCTGGT GCCTGCTGCC 1980  
 ATGGCCAGCC CCCACTTCTC ACCCTGCACA GGGGGTCTTG CAGCCCCCAG GCCCAGAGCC 2040  
 TCGTTGGGAG GACAGGGTGG CCCTGGGGAC AAGAGGGAGG AGCCAGGGG CTTACCTCAC 2100  
 TGAGAGTGCT CCCAGCAGG CATCCACTAC CCCAGGGCCC CCCACATGTC ATGGCAAGGT 2160  
 40 TGGTAGTGAA TGGGCCTGGT TGGGAGCAGC CCCTGGGCCA TTGCCACCC ACCCATCTCA 2220  
 CTATGCAATT CGAGTTCCAA GCAACATTTG CTCCTGCCCT GGGGCCAGCT CTGCCCCAGC 2280  
 CCTGAGAGGG GTGGTGAGGC AGCCCCCTGG ACCCCAGAAC CCCAGACAAG GGGGCAGGCG 2340  
 GGGGACCAGG GCCTCTCCTG TGGGATCTTT GTTTTGTGTT TAACCATAAT GGTGTGTAC 2400  
 TGAACCACTT CATATTTGTT ATATATAATA TATATATA TAATCTCCTT AAGACTCAGC 2460  
 45 CTCCTGGTTT ACCCCCCCGG CCTGGGCATC TGACCTCCCC CACCCAGTG TGATTAAACA 2520  
 TCCAGGAAGT GAGGCCTGAA CCATTTTGCA TTTCCCCCTC CTCCAGCCTC GTAGGGCCA 2580  
 TGGCTGTATG TACTGTGCT GTTTTTTTT GTTTTTTTAG AACTGGGTTT GGGGGCTGAT 2640  
 TTTTATTTCT TTGGGGGCTT TTTTCTTGG CAAATACTAA AAATCTCGTC AATGTAATTT 2700  
 50 CTGTGGTTTC TATTCAGCTT GGGTTTCATG TTTTAAATA AATTTTAAAA AGCAAAAAAA 2760

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 601

```
15  GCGGGGGCCG CGAGAGCAGT AGGTGTTAGC AGCTTGGTCG CGACAGGGGC GCTAGGTAGA 60
    GCGCCGGGAC CTGTGACAGG GCTGGTAGCA GCGCAGAGGA AAGGCGGCTT TTAGCCAGGT 120
    ATTTCACTGT CTGTAGACAA GATGGAATCA TCTCCATTTA ATAGACGGCA ATGGACCTCA 180
    CTATCATTGA GGGTAACAGC CAAAGAACTT TCTCTTGTC AACAAGACAA GTCATCGGCT 240
    ATTTGTGAAA TATTCTCCAA GTACCAGAAA GCAGCTGAAG AAACAAACAT GGAGAAGAAG 300
20  AGAAGTAACA CCGAAAATCT CTCCCAGCAC TTTAGAAAGG GGACCCTGAC TGTGTTAAAG 360
    AAGAAGTGGG AGAACCAGG GCTGGGAGCA GAGTCTCACA CAGACTCTCT ACGGAACAGC 420
    AGCACTGAGA TTAGGCACAG AGCAGACCAT CCTCCTGCTG AAGTGACAAG CCACGCTGCT 480
    TCTGGAGCCA AAGCTGACCA AGAAGAACAA ATCCACCCCA GATCTAGACT CAGGTCACCT 540
    CCTGAAGCCC TCGTTCAGGG TCGATATCCC CACATCAAGG ACGGTGAGGA TCTTAAAGAC 600
25  CACTCAACAG AAAGTAAAAA AATGGAATAA TGTCTAGGAG AATCCAGGCA TGAAGTAGAA 660
    AAATCAGAAA TCAGTGAAAA CACAGATGCT TCGGGCAAAA TAGAGAAATA TAATGTTCCG 720
    CTGAACAGGC TTAAGATGAT GTTTGAGAAA GGTGAACCAA CTCAACTAA GATTCTCCGG 780
    GCCCAAAGCC GAAGTGCAAG TGAAGGAAG ATCTCTGAAA ACAGCTATTC TCTAGATGAC 840
    CTGGAATAG GCCCAGGTCA GTTGTCATCT TCTACATTG ACTCGGAGAA AAATGAGAGT 900
30  AGACGAAATC TGGAACCTCC ACGCCTCTCA GAAACCTCTA TAAAGGATCG AATGGCCAAG 960
    TACCAGGCAG CTGTGTCCAA ACAAAGCAGC TCACCGACTA TACCAATGAG CTGAAGCCAG1020
    G                                     1021
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2889 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 601

15 GGC GGG GCG CGAGAGCAGT AGGTGTTAGC AGCTTGGTCG CGACAGGGGC GCTAGGTAGA 60  
GCGCCGGGAC CTGTGACAGG GCTGGTAGCA GCGCAGAGGA AAGGCGGCTT TTAGCCAGGT 120  
ATTTTCAGTGT CTGTAGACAA GATGGAATCA TCTCCATTTA ATAGACGGCA ATGGACCTCA 180  
CTATCATTGA GGGTAACAGC CAAAGAACTT TCTCTTGTCA ACAAGAACAA GTCATCGGCT 240  
ATTGTGGA AAA TATTCTCAA GTACCAGAAA GCAGCTGAAG AAACAAACAT GGAGAAGAAG 300  
20 AGAAGTAACA CCGAAAATCT CTCCAGCAC TTTAGAAAGG GGACCCTGAC TGTGTTAAAG 360  
AAGAAGTGGG AGAACCCAGG GCTGGGAGCA GAGTCTCACA CAGACTCTCT ACGGAACAGC 420  
AGCACTGAGA TTAGGCACAG AGCAGACCAT CCTCCTGCTG AAGTGACAAG CCACGCTGCT 480  
TCTGGAGCCA AAGCTGACCA AGAAGAACAA ATCCACCCCA GATCTAGACT CAGGTCACCT 540  
CCTGAAGCCC TCGTTCAGGG TCGATATCCC CACATCAAGG ACGGTGAGGA TCTTAAAGAC 600  
25 CACTCAACAG AAAGTAAAAA AATGGAAAAT TGTCTAGGAG AATCCAGGCA TGAAGTAGAA 660  
AAATCAGAAA TCAGTGAAAA CACAGATGCT TCGGGCAAAA TAGAGAAATA TAATGTTCCG 720  
CTGAACAGGC TTAAGATGAT GTTTGAGAAA GGTGAACCAA CTCAACTAA GATTCTCCGG 780  
GCCCCAAGCC GAAGTGCAAG TGGAAGGAAG ATCTCTGAAA ACAGCTATTC TCTAGATGAC 840  
CTGGAAATAG GCCCAGGTCA GTTGTCATCT TCTACATTG ACTCGGAGAA AAATGAGAGT 900  
30 AGACGAAATC TGGAAGTTCC ACGCCTCTCA GAAACCTCTA TAAAGGATCG AATGGCCAAG 960  
TACCAGGCAG CTGTGTCCAA ACAAAGCAGC TCACCGACTA TACCAATGAG CTGAAGCCAG 1020  
G 1021

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2889 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 602

```

GATCAGGCCT GTGGTCCAGC TCACTGCCAT TGAGATTCTA GCTTGGGGCT TAAGAAATAT 60
GAAAAACTTC CAGATGGCTT CTATCACATC CCCCAGTCTT GTTGTGGAGT GTGGAGGAGA 120
5 AAGGGTGGAA TCGGTGGTGA TCAAAAACCT TAAGAAGACA CCCAACTTTC CAAGTTCTGT 180
TCTCTTCATG AAAGTGTTCT TGCCCAAGGA GGAATTGTAC ATGCCCCCAC TGGTGATCAA 240
GGTCATCGAC CACAGGCAGT TTGGGCGGAA GCCTGTCGTC GGCCAGTGCA CCATCGAGCG 300
CCTGGACCGC TTTCGCTGTG ACCCTTATGC AGGGAAAGAG GACATCGTCC CACAGCTCAA 360
AGCCTCCCTG CTGTCTGCCC CACCATGCCG GGACATCGTT ATCGAAATGG AAGACACCAA 420
10 ACCATTACTG GCTTCTAAGC TGACAGAAAA GGAGGAAGAA ATCGTGGACT GGTGGAGTAA 480
ATTTGATGCT TCCTCAGGGG AACATGAAAA ATGCGGACAG TATATTCAGA AAGGCTATTC 540
CAAGCTCAAG ATATATAATT GTGAAGTAGA AAATGTAGCA GAATTTGAGG GCCTGACAGA 600
CTTCTCAGAT ACGTTCAAGT TGTACCGAGG CAAGTCGGAT GAAAAAGAAG ATCCTTCTGT 660
GGTTGGAGAG TTTAAGGGCT CCTTTCGGAT TACCCTCTG CCGGATGACC CCAGCGTGCC 720
15 AGCCCCCTCC AGACAGTTTC GGAATTATCC TGACAGCGTC CCACAGGAAT GCACGGTTAG 780
GATTTACATT GTTCGAGGCT TAGAGCTCCA GCCCCAGGAC AACAAATGGCC TGTGTGACCC 840
TTACATAAAA ATAACACTGG GCAAAAAAGT CATTTGAAGC CGAGATCACT ACATTCCCAA 900
CACTCTCAAC CCAGTCTTTG GCAGGATGTA CGAACTGAGC TGCTACTTAC CTCAAGAAAA 960
AGACCTGAAA ATTTCTGTCT ATGATTATGA CACCTTACC CGGGATGAAA AAGTAGGAGA1020
20 AACAATTATT GATCTGGAAA ACCGATTCTT TTCCCCTTT GGGTCCCACT GCGGCATACC1080
AGAGGAGTAC TGTGTTTCTG GAGTCAATAC CTGGCGAGAT CAACTGAGAC CAACACAGCT1140
GGTTCAAAAT GTGCCAGAT TCAAAGGCTT CCCACAACCC ATCCTTTCCG AAGATGGGAG1200
TAGAATCAGA TATGGAGGAC GAGACTACAG CTTGGATGAA TTTGAAGCCA ACAAATCTCT1260
GCACCAGCAC CTCGGGGCCC CTGAAGAGCG GCTTGCTCTT CACATCCTCA GGAAGTCAAG1320
25 GCTGGTCCCT GAGCACGTGG AAACAAGGAC TTTGCACAGC ACCTTCCAGC CCAACATTTCT1380
CCAGGGAAAA CTTGAGATGT GGGTGGATGT TTTCCCCAAG AGTTTGGGGC CACCAGGCCCT1440
TCCTTTCAAC ATCACACCCC GGAAGGCCAA GAAATACTAC CTGCGTGTGA TCATCTGGAA1500
CACCAAGGAC GTTATCTTGG ACGAGAAAAG CATCACAGGA GAGGAAATGA GTGACATCTA1560
CGTCAAAGGC GTGATTCCTG GCAATGAAGA AAACAACAG AAAACAGATG TCCATTACAG1620
30 ATCTTTGGAT GGTGAAGGGA ATTTTAACTG GCGATTTGTT TTCCCGTTTG ACTACCTTCC1680
AGCCGAACAA CTCTGTATCG TTGCGAAAAA AGAGCATTTT TGGAGTATTG ACCAAACGGA1740
ATTTTCGAATC CCACCCAGGC TGATCATTTA GATATGGGAC AATGACAAGT TTTCTCTGGA1800
TGACTACTTG GGTTCCTAG AACTTGACTT GCGTCACACG ATCATTCCTG CAAATCACC1860
AGAGAAATGC AGGTTGGACA TGATTCCGGA CCTCAAAGCC ATGAACCCCC TTAAGCCAA1920
35 GACAGCCTCC CTCTTTGAGC AGAAGTCCAT GAAAGGATGG TGGCCATGCT ACGCAGAGAA1980
AGATGGCGCC CGCGTAATGG CTGGGAAAGT GGAGATGACA TTGGAAATCC TCAACGAGAA2040
GGAGGCCGAC GAGAGGCCAG CCGGGAAGGG GCGGGACGAA CCCAACATGA ACCCCAAGCT2100
GGACTTACCA AATCGACCAG AAACCTCCTT CCTCTGGTTC ACCAACCCTAT GCAAGACCAT2160
GAAGTTTCATC GTGTGGCGCC GCTTTAAGTG GGTTCATCAT GGCTTGCTGT TCCTGCTTAT2220
40 CCTGCTGCTC TTCGTGGCCG TGCTCCTCTA CTCTTTGCCG AACTATTTGT CAATGAAGAT2280
TGTAAGCCAA AATGTGTAAC AAAGGCAAAG GCTTCATTTT AAGAGTCATC CAGCAATGAG2340
AGAATCCTGC CTCTGTAGAC CAACATCCAG TGTGATTTTG TGTCTGAGAC CACACCCAG2400
TAGCAGGTTA CGCCATGTCA CCGAGCCCCA TTGATTTCCA GAGGGTCTTA GTCCTGGAAA2460
GTCAGGCCAA CAAGCAACGT TTGCATCATG TTATCTCTTA AGTATTAAAA GTTTTATTTT2520
45 CTAAAGTTTA AATCATGTTT TTCAAATAT TTTTCAAGGT GGCTGGTTCC ATTTAAAAAT2580
CATCTTTTTA TATGTGTCTT CGGTTCTAGA CTTTCAAGCTT TGGAATTTGC TAAATAGAAT2640
TCAAAAATCT CTGCATCCTG AGGTGATATA CTTTCAATTT GTAATCAACT GAAAGAGCTG2700
TGCAATTATA AATCAGTTAG AATAGTTAGA ACAATTCTTA TTTATGCCCC CAACCATTCG2760
TATATTTTGT ATGGATGTCA TAAAAGTCTA TTTAACCTCT GTAATGAAAC TAAATAAAAA2820
50 TGTTTCACCT TTA AACATA GGGGGGGTGG TCGGGGGGTC GGGAGGGGGG GGGGTGGTGT2880
GGGGTGTGG
2889

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

## 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3638 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 602

5 GATCAGGCCT GTGGTCCAGC TCACTGCCAT TGAGATTCTA GCTTGGGGCT TAAGAAATAT 60  
 GAAAACTTC CAGATGGCTT CTATCACATC CCCAGTCTT GTTGTGGAGT GTGGAGGAGA 120  
 AAGGGTGGAA TCGGTGGTGA TCAAAAACCT TAAGAAGACA CCCAACTTTC CAAGTTCTGT 180  
 TCTCTTCATG AAAGTGTCTT TGCCCAAGGA GGAATTGTAC ATGCCCCCAC TGGTGATCAA 240  
 GGTCATCGAC CACAGGCAGT TTGGGCGGAA GCCTGTCGTC GGCCAGTGCA CCATCGAGCG 300  
 CCTGGACCGC TTTCGCTGTG ACCCTTATGC AGGGAAAGAG GACATCGTCC CACAGCTCAA 360  
 AGCCTCCCTG CTGCTGCCCC CACCATGCCG GGACATCGTT ATCGAAATGG AAGACACCAA 420  
 10 ACCATTACTG GCTTCTAAGC TGACAGAAAA GGAGGAAGAA ATCGTGGACT GGTGGAGTAA 480  
 ATTTGATGCT TCCTCAGGGG AACATGAAAA ATCGGGACAG TATATTGAGA AAGGCTATTC 540  
 CAAGCTCAAG ATATATAATT GTGAAC TAGA AAATGTAGCA GAATTTGAGG GCCTGACAGA 600  
 CTTCTCAGAT ACGTTCAAGT TGTACCGAGG CAAGTCGGAT GAAAATGAAG ATCCTTCTGT 660  
 GGTTGGAGAG TTTAAGGGCT CCTTTCGGAT CTACCCTCTG CCGGATGACC CCAGCGTGCC 720  
 15 AGCCCTCCC AGACAGTTTC GGGAATTACC TGACAGCGTC CCACAGGAAT GCACGGTTAG 780  
 GATTACATT GTTCGAGGCT TAGAGCTCCA GCCCCAGGAC AACAAATGGCC TGTGTGACCC 840  
 TTACATAAAA ATAACACTGG GCAAAAAAGT CATTGAAGAC CGAGATCACT ACATTCCCAA 900  
 CACTCTCAAC CCAGTCTTTG GCAGGATGTA CGAACTGAGC TGCTACTTAC CTCAAGAAAA 960  
 AGACCTGAAA ATTTCTGTCT ATGATTATGA CACCTTTACC CGGGATGAAA AAGTAGAGA1020  
 20 AACAAATTAT GATCTGAAA ACCGATTCTT TTCCCGCTTT GGGTCCCACT GCGGCATACC1080  
 AGAGGAGTAC TGTGTTTCTG GAGTCAATAC CTGGCGAGAT CAACTGAGAC CAACACAGCT1140  
 GCTTCAAAAT GTCGCCAGAT TCAAAGGCTT CCCACAACCC ATCCTTTCGG AAGATGGGAG1200  
 TAGAATCAGA TATGGAGGAC GAGACTACAG CTTGGATGAA TTTGAAGCCA ACAAATCCT1260  
 GCACCAGCAC CTCGGGGGCC CTGAAGAGCG GCTTGCTCTT CACATCCTCA GGA CTGAGGG1320  
 25 GCTGGTCCCT GAGCACGTGG AAACAAGGAC TTTGCACAGC ACCTTCCAGC CCAACATTC1380  
 CCAGGGAAAA CTTCAGATGT GGGTGGATGT TTTCCCAAG AGTTTGGGGC CACCAGGCC1440  
 TCCTTTCAAC ATCACACCCC GGAAAGCCAA GAAATACTAC CTGCGTGTGA TCATCTGGA1500  
 CACCAAGGAC GTTATCTTGG ACGAGAAAAG CATCACAGGA GAGGAAATGA GTGACATCTA1560  
 CGTCAAAGGC TGGATTCTTG GCAATGAAGA AAACAACAG AAAACAGATG TCCATTACAG1620  
 30 ATCTTTGGAT GGTGAAGGGA ATTTAACTG GCGATTTGTT TTCCCGTTG ACTACCTTCC1680  
 AGCCGAACAA CTCTGTATCG TTGCGAAAAA AGAGCATTTC TGGAGTATTG ACCAAACGGA1740  
 ATTTGGAATC CCACCCAGGC TGATCATTCA GATATGGGAC AATGACAAGT TTTCTCTGGA1800  
 TGACTACTTG GGTTCCTAG AACTTGACTT GCGTCACAGC ATCATTCTTG CAAAATCACC1860  
 AGAGAAATGC AGGTTGGACA TGATTCCGGA CCTCAAAGCC ATGAACCCCC TTAAAGCCAA1920  
 35 GACAGCCTCC CTCTTTGAGC AGAAGTCCAT GAAAGGATGG TGGCCATGCT ACGCAGAGAA1980  
 AGATGGCGCC CGCGTAATGG CTGGGAAAGT GGAGATGACA TTGGAAATCC TCAACGAGAA2040  
 GGAGGCCGAC GAGAGGCCAG CCGGGAAGGG GCGGACGAA CCCAACATGA ACCCAAGCT2100  
 GGACTTACCA AATCGACCAG AAACCTCCTT CCTCTGGTTC ACCAACCCAT GCAAGACCAT2160  
 GAAGTTTCATC GTGTGGCGCC GCTTTAAGTG GGTCAATCATC GGCTTGCTGT TCCTGCTTAT2220  
 40 CCTGCTGCTC TTCGTGGCCG TGCTCTCTTA CTCTTGCCG AACTATTTGT CAATGAAGAT2280  
 TGTAAGCCA AATGTGTAAC AAAGGCAAGG GCTTCATTTT AAGAGTCATC CAGCAATGAG2340  
 AGAATCCTGC CTCTGTAGAC CAACATCCAG TGTGATTTTG TGTCTGAGAC CACACCCAG2400  
 TAGCAGGTTA CGCCATGTCA CCGAGCCCCA TTGATTCCCA GAGGGTCTTA GTCCTGGA2460  
 GTCAGGCCAA CAAGCAACGT TTGCATCATG TTATCTCTTA AGTATTAAAA GTTTTATTTT2520  
 45 CTAAAGTTTA AATCATGTTT TTCAAAATAT TTTTCAAGGT GGCTGGTTCC ATTTAAAAAT2580  
 CATCTTTTTA TATGTGTCTT CGGTCTAGA CTTGAGCTTT TGGAAATTGC TAAATAGAA2640  
 TCAAAATCT CTGCATCCTG AGGTGATATA CTTCATATTT GTAATCAACT GAAAGAGCTG2700  
 TGCATTATAA AATCAGTTAG AATAGTTAGA ACAATTCTTA TTTATGCCCA CAACATTGCT2760  
 TATATTTTGT ATGGATGTCA TAAAAGTCTA TTTAACCTCT GTAATGAAAC TAAATAAAAA2820  
 50 TGTTCACCT TTAAACATA GGGGGGGTGG TCGGGGGGTC GGGAGGGGGG GGGGTGGTGT2880  
 GGGGTGTGG 2889

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 3638 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear  
 60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 603

```

5      AGAGTTTCAG TTTTGGCAGC AGCGTCCAGT GCCCTGCCAG TAGCTCCTAG AGAGGCAGGG 60
      GTTACCAACT GGCCAGCAGG CTGTGTCCCT GAAGTCAGAT CAACGGGAGA GAAGGAAGTG 120
      GCTAAAACAT TGCACAGGAG AAGTCGGCCT GAGTGGTGCG GCGCTCGGGA CCCACCAGCA 180
20     ATGCTGCTCT TCGTGCTCAC CTGCCTGCTG GCGGTCTTCC CAGCCATCTC CACGAAGAGT 240
      CCCATATTTG GTCCCGAGGA GGTGAATAGT GTGGAAGGTA ACTCAGTGTC CATCACGTGC 300
      TACTACCCAC CCACCTCTGT CAACCGGCAC ACCCGGAAGT ACTGGTGCCG GCAGGGAGCT 360
      AGAGGTGGCT GCATAACCTT CATCTCCTCG GAGGGCTACG TCTCCAGCAA ATATGCAGGC 420
      AGGGCTAACC TCACCAACTT CCCGGAGAAC GGCACATTTG TGGTGAACAT TGCCAGCTG 480
25     AGCCAGGATG ACTCCGGGCG CTACAAGTGT GGCTTGGGCA TCAATAGCCG AGGCCTGTCC 540
      TTTGATGTCA GCCTGGAGGT CAGCCAGGGT CCTGGGCTCC TAAATGACAC TAAAGTCTAC 600
      ACAGTGGACC TGGGCAGAAC GGTGACCATC AACTGCCCTT TCAAGACTGA GAATGCTCAA 660
      AAGAGGAAGT CCTTGTACAA GCAGATAGGC CTGTACCCTG TGCTGGTCAT CGACTCCAGT 720
      GGTATGTGTA ATCCCAACTA TACAGGAAGA ATACGCCTTG ATATTAGGG TACTGGCCAA 780
30     CGACTGTTCA GCGTTGTCAT CAACCAACTC AGGCTCAGCG ATGCTGGGCA GTATCTCTGC 840
      CAGGCTGGGG ATGATTCCAA TAGTAATAAG AAGAATGCTG ACCTCCAAGT GCTAAAGCCC 900
      GAGCCCGAGC TGGTTTATGA AGACCTGAGG GGCTCAGTGA CCTTCCACTG TGCCCTGGGC 960
      CCTGAGGTGG CAAACGTGGC CAAATTTCTG TGCCGACAGA GCAGTGGGGA AAAGTGTGAC1020
      GTGGTCGTCA ACACCTGGG GAAGAGGGCC CCAGCCTTG AGGGCAGGAT CCTGCTCAAC1080
35     CCCAGGACA AGGATGGCTC ATTCACTGTG GTGATCACAG GCCTGAGGAA GGAGGATGCA1140
      GGGCGCTACC TGTGTGGAGC CCATTCCGAT GGTCACTGTC AGGAAGGCTC GCCTATCCAG1200
      GCCTGGCAAC TCTTCGTCAA TGAGGAGTCC ACGATTCCCC GCAGCCCCAC TGTGGTGAAG1260
      GGGGTGGCAG GAGGCTCTGT GGCCGTGCTC TGCCCTTACA ACCGTAAGGA AAGCAAAAGC1320
      ATCAAGTACT GGTGTCTCTG GGAAGGGGCC CAGAATGGCC GCTGCCCCCT GCTGGTGGAC1380
40     AGCGAGGGGT GGGTTAAGGC CCAGTACGAG GGCCGCCTCT CCCTGCTGGA GGAGCCAGGC1440
      AACGGCACCT TCACTGTCAT CCTCAACCAG CTCACCAGCC GGGACGCCGG CTTCTACTGG1500
      TGTCTGACCA ACGGCGATAC TCTCTGGAGG ACCACCGTGG AGATCAAGAT TATCGAAGGA1560
      GAACCAAAACC TCAAGGTACC AGGGAATGTC ACGGCTGTGC TGGGAGAGAC TCTCAAGGTC1620
      CCCTGTCACT TTCCATGCAA ATTCTCCTCG TACGAGAAAT ACTGGTGCAA GTGGAATAAC1680
45     ACGGGCTGCC AGGCCCTGCC CAGCCAAGAC GAAGGCCCA GCAAGGCCTT CGTGAAGTGT1740
      GACGAGAACA GCCGGCTTGT CTCCCTGACC CTGAACCTGG TGACCAGGGC TGATGAGGGC1800
      TGGTACTGGT GTGGAGTGAA GCAGGGCCAC TTCTATGGAG AGACTGCAGC CGTCTATGTG1860
      GCAGTTGAAG AGAGGAAGGC AGCGGGGTCC CGGATGTCA GCCTAGCGAA GGCAGACGCT1920
      GCTCCTGATG AGAAGGTGCT AGACTCTGGT TTTCCGGGAGA TTGAGAACAA AGCCATTAG1980
50     GATCCAGGC TTTTTCAGCA GGAAGAGCG GTGGCAGATA CAAGAGATCA AGCCGATGGG2040
      AGCAGAGCAT CTGTGGATTC CGGCAGCTCT GAGGAACAAG GTGGAAGCTC CAGAGCGCTG2100
      GTCTCCACCC TGGTGCCCTT GGGCCTGGT CTGGCAGTGG GAGCCGTGGC TGTGGGGGTG2160
      GCCAGAGCCC GGCACAGGAA GAACGTCGAC CGAGTTTCAA TCAGAAGCTA CAGGACAGAC2220
      ATTAGCATGT CAGACTTCGA GAATCCAGG GAATTTGGAG CCAATGACAA CATGGGAGCC2280
55     TCTTCGATCA CTCAGGAGAC ATCCCTCGGA GGAAGAGAAG AGTTTGTGTC CACCACTGAG2340
      AGCACCACAG AGACCAAGA ACCCAAGAAG GCAAAAAGGT CATCCAAGGA GGAAGCCGAG2400
      ATGGCCTACA AAGACTTCCT GCTCCAGTCC AGCACCGTGG CCGCCGAGGC CCAGGACGGC2460
      CCCAGGAAG CCTAGACGGT GTCGCCGCCT GCTCCCTGCA CCCATGACAA TCACCTTCAG2520
      AATCATGTCT ATCCTGGGGC CCTCAGCTCC TGGGGACCC ACTCCCTGCT CTAACACCTG2580

```

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 603

```

AGAGTTTCAG TTTTGGCAGC AGCGTCCAGT GCCCTGCCAG TAGCTCCTAG AGAGGCAGGG 60
GTTACCAACT GGCCAGCAGG CTGTGTCCCT GAAGTCAGAT CAACGGGAGA GAAGGAAGTG 120
GCTAAAACAT TGCACAGGAG AAGTCGGCCT GAGTGGTGGC GCGCTCGGGA CCCACCAGCA 180
20 ATGCTGCTCT TCGTGCTCAC CTGCCTGCTG GCGGTCTTCC CAGCCATCTC CACGAAGAGT 240
CCCATATTTG GTCCCGAGGA GGTGAATAGT GTGGAAGGTA ACTCAGTGTC CATCACGTGC 300
TACTACCCAC CCACCTCTGT CAACCGGCAC ACCCGGAAGT ACTGGTGCCG GCAGGGAGCT 360
AGAGGTGGCT GCATAACCCT CATCTCCTCG GAGGGCTACG TCTCCAGCAA ATATGCAGGC 420
AGGGCTAACC TCACCAACTT CCCGGAGAAC GGCACATTG TGGTGAACAT TGCCAGCTG 480
25 AGCCAGGATG ACTCCGGGCG CTACAAGTGT GGCCTGGGCA TCAATAGCCG AGGCCTGTCC 540
TTTGATGTCA GCCTGGAGGT CAGCCAGGGT CCTGGGCTCC TAAATGACAC TAAAGTCTAC 600
ACAGTGGAAC TGGGCAGAAC GGTGACCATC AACTGCCCTT TCAAGACTGA GAATGCTCAA 660
AAGAGGAAGT CCTTGTAACA GCAGATAGGC CTGTACCCTG TGCTGGTCAT CGACTCCAGT 720
GGTTATGTGA ATCCCAACTA TACAGGAAGA ATACGCCTTG ATATTCAGGG TACTGGCCAA 780
30 CGACTGTTCA GCGTTGTCAT CAACCAACTC AGGCTCAGCG ATGCTGGGCA GTATCTCTGC 840
CAGGCTGGGG ATGATTCCAA TAGTAATAAG AAGAATGCTG ACCTCCAAGT GCTAAAGCCC 900
GAGCCCGAGC TGGTTTATGA AGACCTGAGG GGCTCAGTGA CCTTCCACTG TGCCCTGGGC 960
CCTGAGGTGG CAAACGTGGC CAAATTTCTG TGCCGACAGA GCAGTGGGGA AAAGTGTGAC1020
GTGGTCGTCA ACACCTGGG GAAGAGGGCC CCAGCCTTTG AGGGCAGGAT CCTGCTCAAC1080
35 CCCCAGGACA AGGATGGCTC ATTCACTGTG GTGATCACAG GCCTGAGGAA GGAGGATGCA1140
GGGCGCTACC TGTGTGGAGC CCATTCCGAT GGTCACTGTC AGGAAGGCTC GCCTATCCAG1200
GCCTGGCAAC TCTTCGTCAA TGAGGAGTCC ACGATTCCCC GCAGCCCCAC TGTGGTGAAG1260
GGGGTGGCAG GAGGCTCTGT GGCCGTGCTC TGCCCTTACA ACCGTAAGGA AAGCAAAAGC1320
40 ATCAAGTACT GGTGTCTCTG GGAAGGGGCC CAGAAATGGCC GCTGCCCCCT GCTGGTGGAC1380
AGCGAGGGGT GGGTTAAGGC CCAGTACGAG GGCCGCCTCT CCCTGCTGGA GGAGCCAGGC1440
AACGGCACCT TCACTGTCTC CCTCAACCAG CTCACCAGCC GGGACGCCGG CTCTACTGG1500
TGTCTGACCA ACGGCGATAC TCTCTGGAGG ACCACCGTGG AGATCAAGAT TATCGAAGGA1560
GAACCAAAACC TCAAGGTACC AGGGAATGTC ACGGCTGTGC TGGGAGAGAC TCTCAAGGTC1620
CCCTGTCACT TTCCATGCAA ATTCTCCTCG TACGAGAAAT ACTGGTGCAA GTGGAATAAC1680
45 ACGGGCTGCC AGGCCCTGCC CAGCCAAGAC GAAGGCCCCA GCAAGGCCTT CGTGAAGTGT1740
GACGAGAACA GCCGGCTTGT CTCCCTGACC CTGAACCTGG TGACCAGGGC TGATGAGGGC1800
TGGTACTGGT GTGGAGTGAA GCAGGGCCAC TTCTATGGAG AGACTGCAGC CGTCTATGTG1860
GCAGTTGAAG AGAGGAAGGC AGCGGGGTCC CGCGATGTCA GCCTAGCGAA GGCAGACGCT1920
50 GCTCCTGATG AGAAGGTGCT AGACTCTGGT TTTCCGGAGA TTGAGAACAA AGCCATTTCAG1980
GATCCCAGGC TTTTTCAGAG GGAAGAGGCG GTGGCAGATA CAAGAGATCA AGCCGATGGG2040
AGCAGAGCAT CTGTGGATTC CGGCAGCTCT GAGGAACAAG GTGGAAGCTC CAGAGCGCTG2100
GTCTCCACCC TGGTGCCCTT GGGCTGGTGT CTGGCAGTGG GAGCCGTGGC TGTGGGGGTG2160
GCCAGAGCCC GGCACAGGAA GAACGTCGAG CGAGTTTCAA TCAGAAGCTA CAGGACAGAC2220
ATTAGCATGT CAGACTTCGA GAACTCCAGG GAATTTGGAG CCAATGACAA CATGGGAGCC2280
55 TCTTCGATCA CTCAGGAGAC ATCCCTCGGA GGAAGAAGAG AGTTTGTGTC CACCACTGAG2340
AGCACCAAGC AGACCAAGA ACCCAAGAAG GCAAAAAGGT CATCCAAGGA GGAAGCCGAG2400
ATGGCCTACA AAGACTTCCT GCTCCAGTCC AGCACCGTGG CCGCCGAGGC CCAGGACGGC2460
CCCCAGGAAG CCTAGACGGT GTCGCCGCCCT GCTCCCTGCA CCCATGACAA TCACCTTCAG2520
AATCATGTCT ATCCTGGGGC CCTCAGCTCC TGGGGACCCC ACTCCCTGCT CTAACACCTG2580

```

CCTAGGTTTT TCCTACTGTC CTCAGAGGCG TGCTGGTCCC CTCCTCAGTG ACATCAAAGC2640  
 CTGGCCTAAT TGTTCTTATT GGGGATGAGG GTGGCATGAG GAGGTCCCAC TTGCAACTTC2700  
 TTTCTGTTGA GAGAACCTCA GGTACGGAGA AGAATAGAGG TCCTCATGGG TCCCTTGAG2760  
 GAAGAGGGAC CAGGGTGGGA GAGCTGATTG CAGAAAGGAG AGACGTGCAG CGCCCCCTCTG2820  
 5 CACCCTTATC ATGGGATGTC AACAGAATTT TTTCCCTCCA CTCCATCCCT CCCTCCCGTC2880  
 CTTCCCTCT TCTTCTTTCC TTACCATCAA AAGATGTATT TGAATTCATA CTAGAATTCA2940  
 GGTGCTTTGC TAGATGCTGT GACAGGTATG CCACCAACAC TGCTCACAGC CTTTCTGAGG3000  
 ACACCACTGA AAGAAGCCAC AGCTCTTCTT GGGGTATTTA TACTCACTGA GTCTTAACTT3060  
 TTCACCAGGG GTGCTCACCT CTGCCCCAT TGGGAGAGGT CATAAAATGT CTCGAGTCTT3120  
 10 AAGGCCTTAG GGGTCATGTA TGATGAGCAT ACACACAGGC ATGAGCCACT GAGCCTGGCC3180  
 CAGAAGCGTT TTTCTCAAAG GCCCTCAGTG AGATAAATTA GATTTGCCAT CTCCTGTCCT3240  
 GGGCCAGGGA TCTCTCTACA AGAGCCCCTG CCCCTCTGTT GGAGGCACAG TTTTAGAATA3300  
 AGGAGGAGGA GGGAGAAGAG AAAATGTAAA GGAGGGAGAT CTTTCCAGG CCGCACCATT3360  
 TCTGTCACTC ACATGGACCC AAGATAAAAAG AATGGCCAAA CCCTCACAAAC CCCTGATGTT3420  
 15 TGAAGAGTTC CAAGTTGAAG GGAACAAGAG AAGTGTGTTGA TGGTGCCAGA GAGGGGCTGC3480  
 TCTCCAGAAA GCTAAAATTT AATTTCTTTT TTCCTCTGAG TTCTGTACTT CAACCAGCCT3540  
 ACAAGCTGGC ACTTGCTAAC AAATCAGAAA TATGACAATT AATGATTAAA GACTGTGATT3600  
 GCCACCAAAA AAAAAAAAAA AGACGAAAAG AAAAAGGG 3638

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2775 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 25 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 604

ATAGGTTTGG ACCTTCTTG GTAGAATTAC TGCCCTAATT TTGTTCCACT GATACTAGAA 60  
 45 ACGGTCTGAT GTTAGAGCTG GAAGGGATCT GTAGTATCAC GCAGTCCGAT TCTCTAATTT 120  
 TCCACATGAG AAAATGAAGG TCCAGAGGAA GCAGAGACTT AACTCACAAA TCAGAAAAGC 180  
 GGTTCTTGCA GAACTGAGGC CATAGTGAGG ACTTTCTGCT TTCCACCATA CCACCTTGCC 240  
 AGTCCACACA AGAGGGAGGA TGTATTTTGG GGGGCATACA CTGAGGATGG AGAAAGATGG 300  
 CATCAGAACT CTGGGTGAA GTGGTGGCTT AACTGGACTT TGACAGCTGC CTTTGTAAAA 360  
 50 CCCCAAAAC AAACACACTG CATGTAATCA AAAGATGCTT ATACTAATAA TGACCTGTGC 420  
 TGTTCCCACT CAGTTGCTCT CTGTTTTCGA GAAGACATGA GAAGCTGCAA CATGACCTGG 480  
 AGTGGAACTG GAGAGTCACA TTTTGTGTTT AGCCACCTGC TGGGCAGCAG AGCGACTGCA 540  
 CCTTCCAGA AGGCTGAAGT GCTCGTGTGC TGCACTCCAG TGGCATCTCT GCAGTGGTCA 600  
 GAGTGACCTG GTATAAGGGA GAGGGCATCA CCTTGCCCCC TGTGCTGACT CCTGCCCTTC 660  
 55 CCCTACAGGA GAGTCCATCC CGATCCGGCT CTTCTGGGCC GGGTATGAGC TCACGCCAC 720  
 CATGCGGGAC ATCAACAAGA AGTTCTCTGT CGCTATTAC CTCAACCTGG TGCTGTAGA 780  
 CGAGGAGGAG CGGCGCTACT TCAAGCAGCA GGAAGTGGTG TTGTGGCGGA AGGGTGACAT 840  
 CGTACGGAAG AGCATGTCCC ACCAGGCGGC CATCGCCTCA CAGCGCTTTG AGGGCACCAC 900

CCTAGGTTTT TCCTACTGTC CTCAGAGGCG TGCTGGTCCC CTCCTCAGTG ACATCAAAGC2640  
 CTGGCCTAAT TGTTCCCTATT GGGGATGAGG GTGGCATGAG GAGGTCCCAC TTGCAACTTC2700  
 TTTCTGTTGA GAGAACCTCA GGTACGGAGA AGAATAGAGG TCCTCATGGG TCCCTTGAAG2760  
 5 GAAGAGGGAC CAGGGTGGGA GAGCTGATTG CAGAAAGGAG AGACGTGCAG CGCCCCCTCTG2820  
 CACCCTTATC ATGGGATGTC AACAGAATTT TTTCCCTCCA CTCCATCCCT CCCTCCCGTC2880  
 CTTCCCTCT TCTTCTTTCC TTACCATCAA AAGATGTATT TGAATTCATA CTAGAATTCA2940  
 GGTGCTTTGC TAGATGCTGT GACAGGTATG CCACCAACAC TGCTCACAGC CTTTCTGAGG3000  
 ACACCAGTGA AAGAAGCCAC AGCTCTTCTT GGCGTATTTA TACTCACTGA GTCTTAACTT3060  
 TTCACCAGGG GTGCTCACCT CTGCCCCCTAT TGGGAGAGGT CATAAAATGT CTCGAGTCCT3120  
 10 AAGGCCTTAG GGGTCATGTA TGATGAGCAT ACACACAGGC ATGAGCCACT GAGCCTGGCC3180  
 CAGAAGCGTT TTTCTCAAAG GCCCTCAGTG AGATAAATTA GATTTGGCAT CTCCTGTCTT3240  
 GGGCCAGGGA TCTCTCTACA AGAGCCCCCTG CCCCTCTGTT GGAGGCACAG TTTTAGAATA3300  
 AGGAGGAGGA GGGAGAAGAG AAAATGTAAA GGAGGGAGAT CTTTCCCAGG CCGCACCATT3360  
 TCTGTCACTC ACATGGACCC AAGATAAAAG AATGGCCAAA CCCTCACAAC CCCTGATGTT3420  
 15 TGAAGAGTTC CAAGTTGAAG GGAAACAAAG AAGTGTTTGA TGGTGCCAGA GAGGGGCTGC3480  
 TCTCCAGAAA GCTAAAATTT AATTTCTTTT TTCTCTGAG TTCTGTACTT CAACCAGCCT3540  
 ACAAGCTGGC ACTTGCTAAC AAATCAGAAA TATGACAATT AATGATTAAA GACTGTGATT3600  
 GCCACCAAAA AAAAAAAAAA AGACGAAAAG AAAAAGGG 3638

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 604

ATAGGTTTGG ACCTTTCTTG GTAGAATTAC TGCCCTAATT TTGTTCCACT GATACTAGAA 60  
 45 ACGGTCTGAT GTTAGAGCTG GAAGGGATCT GTAGTATCAC GCAGTCCGAT TCTCTAATTT 120  
 TCCACATGAG AAAATGAAGG TCCAGAGGAA GCAGAGACTT AACTCACAAA TCAGAAAAGC 180  
 GGTTCCTTGCA GAACTGAGGC CATAGTGAGG ACTTTCTGCT TTCCACCATA CCACCTTGCC 240  
 AGTCCACACA AGAGGGAGGA TGTATTTTGG GGGGCATACA CTGAGGATGG AGAAAGATGG 300  
 CATCAGAACT GCTGGGTGAA GTGGTGGCTT AACTGGACTT TGACAGCTGC CTTTTGAAAA 360  
 50 CCCCAAAACCT AAACACACTG CATGTAATCA AAAGATGCTT ATACTAATAA TGACCTGTGC 420  
 TGTTCCTCACT CAGTTGCTCT CTGTTTTCGA GAAGCATGA GAAGCTGCAA CATGACCTGG 480  
 AGTGGAAGT GAGAGTCACA TTTTGTTC AGCCACCTGC TGGGCAGCAG AGCGACTGCA 540  
 CCTTCCCAGA AGGCTGAAGT GCTCGTGTGC TGCACTCCAG TGGCATCTCT GCAGTGGTCA 600  
 GAGTGACCTG GTATAAGGGA GAGGGCATCA CCTTGCCCCC TGTGCTGACT CCTGCCCTTC 660  
 55 CCCTACAGGA GAGTCCATCC CGATCCGGCT CTTCTGGCC GGGTATGAGC TCACGCCCAC 720  
 CATGCGGGAC ATCAACAAGA AGTTCTCTGT GCGCTATTAC CTCAACCTGG TGCTGATAGA 780  
 CGAGGAGGAG CGGCGCTACT TCAAGCAGCA GGAAGTGGTG TTGTGGCGGA AGGGTGACAT 840  
 CGTACGGAAG AGCATGTCCC ACCAGCGGCG CATCGCCTCA CAGCGCTTTG AGGGCACCAC 900

CTCCTTGGGT GAGGTGCGGA CCCCCAGCCA GCTGTCTGAC AACAACTGCA GGCAGTAGGC 960  
 CCCCAGGGCC GAGAAGATGC TGGGCACCCA CCCAGCACCC CCATCTACCA ACACCAGCGG1020  
 CTGGGGGCGG GGGCGGACCT TGTGAGGCTC AGTTGACCCG TTAGTTGCAA CCTGAAAACA1080  
 AATCATGTTT TTGACTTAAA TTCTTTTCTC TGGAGAACCC AAGGGGCTTG GGGTGGGAAG1140  
 5 CAGTCTCTCC TTGGGATTCT GCGGCCGATG TGGGATAGAA GAGGTAGCAT CCTGGAAGCC1200  
 AGCCTCTCTG GGAACATGA GCGCCCTTCC TCGGGGGGCT GCCTTGCGTC TTAGAGGAGG1260  
 GAGAGCAGAG AGCACGCATC CTTGGCTCCT GGCTCTCTGA GCTTCCTGAT ACAGGATCTG1320  
 AGCATGTCCC TGGGATTCTG AGTGCCAAAC AGGGCCCTGG GTAGTCACAT CTTGTACTCC1380  
 CCTTTGCTGT CCCGGAGGTA GTGGCAGGAG TTGGGCCAGC CCCCCTAAG TGGCAGGGGA1440  
 10 AGACTCACGA TTGGGAAGCT ACCTCTTTGG GAATCTTGGA TGTGGTGATC TCAAGTTCCC1500  
 ACAGGCCACC TCCTTCTGGC CACTCACTGC TGGGACCCAG GCACCTCCCT TCTCCATCCT1560  
 CTCTGGATTG TCAGTAATGT CCTGGAACAG AAGCCTGTAG GATGGCCTTG GGCACGGAGA1620  
 AGCCCTGGGG TCAGTGTCGT GCACGGATGG CCGCAGTGTT GAACCCAGGA GGCTGAACCC1680  
 GGCCCAACCAG GGAAGATGAG TGCATGGCAA CCGCCTGCCT TCACGTCGCT CCACTTGGA1740  
 15 ACCCCAAGGT CTGGGCTGTT CTAGGTATTG CTTACGTGC CCCAGCAAGC CCTTAACAAG1800  
 AGGGCCTGGT TCCCTGAAGA ACCAATCCCA GGAAGGGGCC TTGATCCCTC CGCCTTGCTG1860  
 AGAGTGAACC CTCGTCTCTC CTCACCCTCC ATTTCAATTC TGGGAATTGG GGCTTAGTTT1920  
 CGAACCTTTG GCAAGGCTGT TCTTACTAAT GCCCAAGCCC CTTTACCCCT CTCCCTATAG1980  
 GTTACACAGG GGAGACCAGG GCCTCGGCAG AAGACTGCTG CCACACTTCC GAATCATTCT2040  
 20 GCTTGCCAAA TAGGTCATCT TCACCAGTTG ACTGACCCAA GTTTAGGACC ATTGGTATCG2100  
 TGTGTTTAAA AAACACATAT AAAAAAATC TTGTGAATAT TCTTGTTATG CTAGAGAGGA2160  
 AGGTACTTCT CCCTCTACGG CTCTGCGCTG GGGCCTATGG TAGTAAAGTT GTTTACTGTC2220  
 CTTTTCTGCT TTCCCTGGA AATGACAGGC ATTACTCTCC CATTGGCCTC CTTCCCTTT2280  
 ATAGAAAGAC CAAGCAGGCC CCACTGGCCA AGAGGTACGG TATTTGGCAG TCTGAGTTCT2340  
 25 CAGTAATTTG GAAAGTTAAG GAGTTGGTTC CTGTGTCACC TTTCAGTTAG TGTGGGAAAG2400  
 GAAGACTTCT GTTTTCCTGA GATCAGTGCA GTCTCAGGCC TTTGGCAGGG CTCATGGATC2460  
 AGAGCTGAGA CTGGAGGGAG AGGCATTTCC GGTCAGCTAG GAGGGCGACT GCGGCAGCA2520  
 GAACCGAGGA AGGCAAGGTT GTTTCCCCCA CGCTGTGTCC TGTGTTTCAGG TGCACACAC2580  
 AATCCTCATG GGAACAGGAT CACCCATGCG CTGCCCTTGA TGATCAAGGT TGGGGCTTAA2640  
 30 GTGGATAAGG GAGGCAAGTT CTGGGTTTCT TGCCTTTTCA GAGCATGAGG TCAGGCTCTG2700  
 TATCCCTCCT TTTCTAGCT GATATTCTAA CTAGAAGCAT TTGTCAAGTT CCCTGTGTGG2760  
 CCCTTCCCCC CAGAG 2775

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 944 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 605

GAAAAGGGGG AGGGGGAGTG ACAATCTTTG CTTGGGGCCT ATGACTTCTC CAGCCCCAAG 60

CTCCTGGGT GAGGTGCGGA CCCCCAGCCA GCTGTCTGAC AACAACTGCA GGCAGTAGGC 960  
 CCCAGGGGCC GAGAAGATGC TGGGCACCCA CCCAGCACCC CCATCTACCA ACACCAGCGG1020  
 CTGGGGGCGG GGGCGGACCT TGTGAGGCTC AGTTGACCCG TTAGTTGCAA CCTGAAAACA1080  
 AATCATGTTT TTGACTTAAA TTCTTTTCTC TGGAGAACCC AAGGGGCTTG GGTGGGAAG1140  
 5 CAGTCTCTCC TTGGGATTCT GCGGCCGATG TGGGATAGAA GAGGTAGCAT CCTGGAAGCC1200  
 AGCCTCTCTG GGAACATGA GCGCCCTTCC TCGGGGGGCT GCCTTGCCTC TTAGAGGAGG1260  
 GAGAGCAGAG AGCACGCATC CTTGGCTCCT GGCTCTCTGA GCTTCTGAT ACAGGATCTG1320  
 AGCATGTCCC TGGGATTCTG AGCTGCCAAC AGGGCCCTGG GTAGTCACAT CTGTACTCC1380  
 CCTTTGCTGT CCCGGAGGTA GTGGCAGGAG TTGGGCCAGC CCCACTAAG TGGCAGGGGA1440  
 10 AGACTCACGA TTGGGAAGCT ACCTCTTTGG GAATCTTGA TGTGGTGATC TCAAGTTCC1500  
 ACAGGCCACC TCCTTCTGGC CACTCACTGC TGGGACCCAG GCACCTCCCT TCTCCATCT1560  
 CTCTGGATTG TCAGTAATGT CCTGGAACAG AAGCCTGTAG GATGGCCTTG GGCACGGAGA1620  
 AGCCCTGGGG TCAGTGTCGT GCACGGATGG CCGCAGTGTT GAACCCAGGA GGCTGAACCC1680  
 GGGCCACCAC GGAAGATGAG TGCATGGCAA CCGCCTGCCT TCACGTCGCT CCACTTGGTA1740  
 15 ACCCAAGGT CTGGGCTGTT CTAGGTATTG CTTACGTGC CCCAGCAAGC CCTTAACAAG1800  
 AGGGCCTGGT TCCCTGAAGA ACCAATCCCA GGAAGGGGCC TTGATCCCTC CGCCTTGCTG1860  
 AGAGTGAACC CTCGTCTCTC CTCACCTTCC ATTTCAATTC TGGGAATTGG GGCTTAGTT1920  
 CGAACCTTTG GCAAGGCTGT TCTTACTAAT GCCCAAGCCC CTTTACCCCT CTCCTATAG1980  
 GTTACACAGG GGAGACCAGG GCCTCGGCAG AAGACTGCTG CCACACTTCC GAATCATTTCT2040  
 20 GCTTGCCAAA TAGGTCATCT TCACCAAGTTG ACTGACCCAA GTTTAGGACC ATTGGTATCG2100  
 TGTGTTTAAA AAACACATAT AAAAAAATC TTGTGAATAT TCTTGTTATG CTAGAGAGGA2160  
 AGGTACTTCT CCCTCTACGG CTCTGCGCTG GGGCCTATGG TAGTAAAGTT GTTTACTGTC2220  
 CTTTTCTGCTG TTCCCCTGGA AATGACAGGC ATTACTCTCC CATTGGCCTC CCTTCCCTTT2280  
 ATAGAAAGAC CAAGCAGGCC CCACTGGCCA AGAGGTACGG TATTTGGCAG TCTGAGTTCT2340  
 25 CAGTAATTTG GAAAGTTAAG GAGTTGGTTC CTGTGTCACC TTTCAGTTAG TGTGGGAAAG2400  
 GAAGACTTCT GTTTTCCTGA GATCAGTGCA GTCTCAGGCC TTTGGCAGGG CTCATGGATC2460  
 AGAGCTGAGA CTGGAGGGAG AGGCATTTCC GGTAGCCTAG GAGGGCGACT GCGGCAGCA2520  
 GAACCGAGGA AGGCAAGGTT GTTTCCCCCA CGCTGTGTCC TGTGTTTCAAG TGCGACACAC2580  
 AATCCTCATG GGAACAGGAT CACCCATGCG CTGCCCTTGA TGATCAAGGT TGGGGCTTAA2640  
 30 GTGGATAAGG GAGGCAAGTT CTGGGTTTCT TGCCTTTTCA GAGCATGAGG TCAGGCTCTG2700  
 TATCCCTCCT TTTCCTAGCT GATATTCTAA CTAGAAGCAT TTGTCAAGTT CCCTGTGTGG2760  
 CCCTTCCCCC CAGAG 2775

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

35

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 944 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 605

GAAAAGGGGG AGGGGGAGTG ACAATCTTTG CTTGGGGCCT ATGACTTCTC CAGCCCCAAG 60

GGGAGATGCC ACCGGGAAAT CCCCCAATGT CCACTAGGGG GCAGGAGGCC ACCGTTCTTC120  
 GTACTCCGGA GAACCTGGCT GGAGAGCTCT TTCTTGTTCA CCCTTCCCAC CAGACTAAAA180  
 GGTCATCGCA GATAACGTGA AGGACTGGAG CAAGGTCGTC CTGGCCTATG AGCCTGTGTG240  
 5 GGCCATTGGT ACTGGCAAGA CTGCAACACC CCAACAGGCC CAGGAAGTAC ACGAGAAGCT300  
 CCGAGGATGG CTGAAGTCCA ACGTCTCTGA TGCGGTGGCT CAGAGCACCC GTATCATTTA360  
 TGGAGGCTCT GTGACTGGGG CAACCTGCAA GGAGCTGGCC AGCCAGCCTG ATGTGGATGG420  
 CTTCCCTGTG GGTGGTGCTT CCCTCAAGCC CGAATTCGTG GACATCATCA ATGCCAAACA480  
 ATGAGCCCCA TCCATCTTCC CTACCCCTCC TGCCAAGCCA GGGACTAAGC AGCCCAGAAG540  
 CCCAGTAACT GCCCTTTCCC TGCATATGCT TCTGATGGTG TCATCTGCTC CTTCTGTGG600  
 10 CCTCATCCAA ACTGTATCTT CCTTTACTGT TTATATCTTC ACCCTGTAAT GGTTGGGACC660  
 AGGCCAATCC CTCTCCACT TACTATAATG GTTGGAACCT AACGTCACCA AGGTGGCTTC720  
 TCCTTGCTG AGAGATGGAA GCGGTGGTGG GATTTGCTCC TGGGTTCCTT AGGCCCTAGT780  
 GAGGGCAGAA GAGAAACCAT CCTCTCCCTT CTTACACCGT GAGGCCAAGA TCCCCTCAGA840  
 AGGCAGGAGT GCTGCCCTCT CCCATGGTGC CCGTGCCTCT GTGCTGTGTA TGTGAACCAC900  
 15 CCATGTGAGG GAATAAACCT GGCACCTAGGA AAAAAAAAAA AAAA 944

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 20 (A) LÄNGE: 1939 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 606
- 40 CCAGTCAAGA ATCTCCCACT AAGCTTCAAA GTAGTGGATT ACAGCATGGC AACCATGCCA 60  
 GTAATTTGAA ATTTAGTAGA GAGGCTTTTCG CTTAGTAGAG ATGGGTTTTT GCAGGCTGCT 120  
 CCCGAACTCC TGACCTCACC CCACCCGCGG CAACCCCCCC ATCGGGCCCC CAAAGTGCTG 180  
 45 GGGTTACAGG CTTAAGCCAC CAAGCCCGGC CGACCTTCTT CTATTTTTC ATTCTCCTTT 240  
 CCAAAGCCAT GGCCATGCGC TCCTGTGTAC AGGTGCATAA ACACATCAGT GTGCCATCCC 300  
 TCACATGCAT GTCGTTCCCC ACCCTCCTT CCCAGGGCTT CTCTGGCTC CAGCGTTCCT 360  
 CTGGGACCTT CTGCAGATAC AGCCTGTGCT GGACCCCGAG CCAGGGTGAG GGCTCATTCT 420  
 GCTCTGTCTT CCCCCTGACC TCAGTTTCCC CCAAAAGCTG CTTTCACGTC CTTCTAGTAG 480  
 GGGGCCCTCC ATGGGGGCAA GGATCCCCTT TAGGATTCAA TCTTTCCTCT TTGGGCAGTT 540  
 50 TTGGCTTTGA GTCCCCCAGG GATCAGGGTG AGAATGAAGA AGAGCTCAGT GAGCGGAATG 600  
 ACAGCAGCTG GTTGGGTGGT GTGGGGAGG CGTGAGGGGA AGGCAGCTCT AAGACTGGGA 660  
 GTGGAGTTCC TGGAGGTGTG GGGAGGGGGG CGTGTTCCTA ATTTAGAAAA ATCTCAGCCA 720  
 GCTCGAGCCG AGAGAGAATG CGAAAGAGGA AGTTCGGAAG GAGCGAGGAA TGGGGTGGGT 780  
 GGCAGCGGGG GCCGCTCAGT CGTGTCGCT CTTGTCCACC AGCACGGCGT CCGACTCCTC 840  
 55 GGTGATCTCC AGCAGCGCGT GCACGTCGGG GCTGCTCCCG CGCCGAGGT CGCCGGCCTC 900  
 CCCCCGCTCC GCGCCGCCCT CGTCGTCGTC GCGCGCCACC TCCACCATCT CCGTGGCCTT 960  
 GAGCACTTCC ACCTGGCCCT CGCGGATCTT CTTGACGTGG AAGGTGAAGG GTGGCACCTT1020  
 GTAGACCGCG GTCTTGAGC GCGGTACAC CACGTGGTCG GCGGTGAAGG ATTTGCGCAA1080



```

GGGAGATGCC ACCGGGAAAT CCCCCAATGT CCACTAGGGG GCAGGAGGCC ACCGTTCTTC120
GTACTCCGGA GAACCTGGCT GGAGAGCTCT TTCTTGTTCA CCCTTCCCAC CAGACTAAAA180
GGTCATCGCA GATAACGTGA AGGACTGGAG CAAGGTCGTC CTGGCCTATG AGCCTGTGTG240
GGCCATTGGT ACTGGCAAGA CTGCAACACC CCAACAGGCC CAGGAAGTAC ACGAGAAGCT300
5 CCGAGGATGG CTGAAGTCCA ACGTCTCTGA TGCAGTGGCT CAGAGCACCC GTATCATTTA360
TGGAGGCTCT GTGACTGGGG CAACCTGCAA GGAGCTGGCC AGCCAGCCTG ATGTGGATGG420
CTTCCTTGTG GGTGGTGCTT CCCTCAAGCC CGAATTCTGT GACATCATCA ATGCCAAACA480
ATGAGCCCCA TCCATCTTCC CTACCTTCC TGCCAAGCCA GGGACTAAGC AGCCCAGAAG540
CCCAGTAACT GCCCTTTCCC TGCATATGCT TCTGATGGTG TCATCTGCTC CTCCTGTGG600
10 CCTCATCCAA ACTGTATCTT CCTTTACTGT TTATATCTTC ACCCTGTAAT GGTGGGGACC660
AGGCCAATCC CTTCTCCACT TACTATAATG GTTGGAACTA AACGTCACCA AGGTGGCTTC720
TCCTTGGCTG AGAGATGGAA GGCGTGGTGG GATTGTCTCC TGGGTTCCT AGGCCCTAGT780
GAGGGCAGAA GAGAAACCAT CCTCTCCCTT CTTACACCGT GAGGCCAAGA TCCCCTCAGA840
AGGCAGGAGT GCTGCCCTCT CCCATGGTGC CCGTGCCTCT GTGCTGTGTA TGTGAACCAC900
15 CCATGTGAGG GAATAAACCT GGCAGTAGGA AAAAAAAAAA AAAA 944

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 20 (A) LÄNGE: 1939 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 606

```

40 CCAGTCAAGA ATCTCCCACT AAGCTTCAAA GTAGTGGATT ACAGCATGGC AACCATGCCA 60
GTAATTTGAA ATTTAGTAGA GAGGCTTTCG CTTAGTAGAG ATGGGTTTTT GCAGGCTGCT 120
CCCGAACTCC TGACCTCACC CCACCCGCGG CAACCCCCC ATCGGGCCCC CAAAGTGCTG 180
GGGTACAGG CTTAAGCCAC CAAGCCCGGC CGACCTTCTT CTATTTTCC ATTCTCCTTT 240
45 CCAAAGCCAT GGCCATGCGC TCCTGTGTAC AGGTGCATAA ACACATCAGT GTGCCATCCC 300
TCACATGCAT GTCGTCCCC ACCCTCCTT CCCAGGGCTT CTCTTGGCTC CAGCGTTCCT 360
CTGGGACCTT CTGCAGATAC AGCCTGTGCT GGACCCCGAG CCAGGGTGAG GGCTCATTCT 420
GCTCTGTCTT CCCCCTGCTC TCAGTTTCCC CCAAAGCTG CTTTCACGTC CTTCTAGTAG 480
GGGGCCTCCC ATGGGGGCAA GGATCCCTT TAGGATCAA TCTTCTCTT TTGGGCAGTT 540
50 TTGGCTTTGA TCCCCCAGG GATCAGGGTG AGAATGAAGA AGAGCTCAGT GAGCGGAATG 600
ACAGCAGCTG GGTGGGTGGT GTGGGGAGAG GCTGAGGGGA AGGCAGCTCT AAGACTGGGA 660
GTGGAGTTCC TGGAGGTGTG GGGAGGGGGG CGTGTTTTCA ATTTAGAAAA ATCTCAGCCA 720
GCTCGAGCCG AGAGAGAATG CGAAAGAGGA AGTTCGGAAG GAGCGAGGAA TGGGGTGGGT 780
GGCAGCGGGG GCCGCTCAGT CGCTGTCGCT CTTGTCCACC AGCACGGCGT CCGACTCCTC 840
55 GGTGATCTCC AGCAGCGCGT GCACGTCGGG GCTGCTCCCG CGCCGAGGT CGCCGCGCTC 900
CCCCCGCTCC GCGCGCCCT CGTCGTCGTC GCGCGCCACC TCCACCATCT CGGTGGCCTT 960
GAGCACTTCC ACCTGGCCCT CGCGGATCTT CTTGACGTGG AAGGTGAAGG GTGGCACCTT1020
GTAGACCGCG GTCTTGAGC GCGCGTACAC CACGTGGTCG GGCGTGAAGG ATTTGCGCAA1080

```

CTTGTCCCGC GACGTCTTCA GTTCTCTCGC CCGCTCGGCG GGCACCAGGC GCGTGCCCAG1140  
 CTTGTTCATG CGCTTCTCCA GGGTGTGCCG CGTCTTCTCC AGGTTTTCTT TGGTCTTGAG1200  
 GCGCGTCTTC TCCAGGTTCT CGCGGGTACG CACCTTGCTC TTCTCCATCT TCTCCTTGGA1260  
 GAAGGCCTTC TTGAAGTCGT CCACGCGCCG CAGGCCCTGC GCTTGATACG CTCTGCGCGG1320  
 5 GACTCCTCAA TAACCTCCTC AACCTCCACC GCCTCGTCCG ACGAAAGCTC CAGCGCCGCT1380  
 CGGTCTCTCT CGGGCCGCTC GCCCTCGCCC AGTCTCTCGC CCTCCTTCTC TGGCAGCGCC1440  
 TCCGACTCTT TCAGCGATTT GCTGATGCTC AGTTTGCCG GCAGCTTAC TTCATCCTGG1500  
 TAGATCATGA CTTTAAAGTT GCGGCGCCGC AGCAGCTCGG CCTCGTTGAC CTCCAGCTTC1560  
 TTGATCTGCC CCGCTTGGCG CTCCAGGCTG CCGCGCACGG TCTTCACGTT GACGCTGACC1620  
 10 TTGCGCACCT TCTCCAGCAG CTTGCTCACC GTATTGCTCG TGGTGGCGTG CGCCTTGCCC1680  
 AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740  
 TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800  
 CTCAGCACCA GCACGCCGT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGGCCCC1860  
 GACGGCTCTT CCGCTGCTG AGCCCCAGC GAGGAAGCTC CGGGGCTCG GCGATCGGG1920  
 15 TACCCGGGCA AGCGGCCGC 1939

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1570 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

35

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 607

40 GGCACGAGGA AGTTAAGATC ATACATGCGG ATGTGCTGGT AACCTGCAAG AAGCAATCAT 60  
 GCTGCGGTCC GGTGTGACCT CCCAAGGCAT TCACCCTGGG AGTCCCTGGT GCTGCACCCC 120  
 AACCCAGGCA GAGCTCATCG TGGGTGACCA GAGCGGGGCT ATCCACATCT GGGACTTGAA 180  
 AACAGACCAC AACGAGCAGC TGATCCCTGA GCCCGAGGTC TCCATCACGT CCGCCACAT 240  
 45 CGATCCCGAC GCCAGCTACA TGGCAGCTGT CAATAGCACC GGAAACTGCT ATGTCTGGAA 300  
 TCTGACGGGG GGCATTGGTG ACGAGGTGAC CCAGCTCATC CCCAAGACTA AGATCCCTGC 360  
 CCACACGCGC CGTACGCCCT GCAGTGTGCG TTCAGCCCCG ACTCCACGCT CCTCGCCACC 420  
 TGCTCGGCC TATTAAGACG GTGCAAGATC TGGAAAGGAC TCCAACTTTC TCCCTGATGA 480  
 CGGAGCTGAA GCATCAAGAG CGGCAAGCCC GGGGAAGTCC TCCCGCGGCT TGGATGTGGG 540  
 50 GGCCTGCGCT CTCATCGGGG GACTCCAGT ACATCGTCAC TGCTTCCTCG GACAACCTGG 600  
 CCCGGCTCTG GTGTGTGGAG ACTGGAGAGA TCAAGAGAGA GTACGGCGGC CACCAGAAGG 660  
 CTGTTGTCTG CCTGGCCTTC AATGACAGTG TGCTGGGCTA GCCTGTGACC CCTCGGGACN 720  
 TGCCTGGTGC AGGTGGTGGC AGCNTGGAGG GACCCATGCA GCACCCAGGT CAGAGCAGAC 780  
 CCNTNCCCC TNGCNGGCCT GCGCCANGCT GGNACCTGAT GGCCCCCTGT GCGCCTTGA 840  
 55 CCTGCTGGGC CAGGCTGNCC CTGGGACTCT CAGCCCCCAN GTTGCTTATC CANGATGTA 900  
 CAGAGCTCGA CCCAAGCCAG GCTGCACACT CTGGACNTG GGCTAGCCTG CACTGCCNTG 960  
 GGAAAGNTCN CCCGAGGGCC CANAAGCTGC CTGAGGGTNC TGAGGCTGGT GCCCAGCCCC1020  
 AAGCTAGTGT GTTCTCTGCC CCTCCCTGCC CGCGTTTCAG GGCTCGGTC CATAGAGAAC1080

CTTGTCCCGC GACGTCTTCA GTTCTCTCGC CCGCTCGGCG GGCACCAGGC GCGTGCCCAG1140  
 CTTGTTCATG CGCTTCTCCA GGGTGTGCCG CGTCTTCTCC AGGTTTTCTT TGGTCTTGAG1200  
 GCGCGTCTTC TCCAGGTTCT CGCGGGTACG CACCTTGGTC TTCTCCATCT TCTCCTTGGA1260  
 GAAGGCCTTC TTGAAGTCGT CCACGCGCCG CAGGCCCTGC GCTTGATACG CTCTGCGCGG1320  
 5 GACTCCTCAA TAACCTCCTC AACCTCCACC GCCTCGTCCG ACGAAAGCTC CAGCGCCGCT1380  
 CGGTCTCTCT CGGGCCGCTC GCCCTCGCCC AGTCTCTCGC CCTCCTTCTC TGGCAGCGCC1440  
 TCCGACTCTT TCAGCGATTT GCTGATGCTC AGTTTGGCCG GCAGCTTCAC TTCATCCTGG1500  
 TAGATCATGA CTTTAAAGTT GCGGCGCCGC AGCAGCTCGG CCTCGTTGAC CTCCAGCTTC1560  
 TTGATCTGCC CCGCTTGGCG CTCCAGGCTG CCGCGCACGG TCTTCACGTT GACGCTGACC1620  
 10 TTGCGCACCT TCTCCAGCAG CTTGCTCACC GTATTGCTCG TGGTGGCGTG CGCCTTGCCC1680  
 AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740  
 TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800  
 CTCAGCACCA GCACGCCGT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGGCCCCC1860  
 GACGGCTCCT CCGCTGCCTG AGCCCCAGCG GAGGAAGCTC CGGGGCTCG GCGATCGGGG1920  
 15 TACCCGGGCA AGCGGCCGC 1939

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1570 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 607

40 GGCACGAGGA AGTTAAGATC ATACATGCGG ATGTGCTGGT AACCTGCAAG AAGCAATCAT 60  
 GCTGCGGTCC GGTGTGACCT CCCAAGGCAT TCACCCTGGG AGTCCCTGGT GCTGCACCCC 120  
 AACCCAGGCA GAGCTCATCG TGGGTGACCA GAGCGGGGCT ATCCACATCT GGGACTTGAA 180  
 AACAGACCAC AACGAGCAGC TGATCCCTGA GCCCGAGGTC TCCATCACGT CCGCCCACAT 240  
 45 CGATCCCGAC GCCAGCTACA TGGCAGCTGT CAATAGCACC GGAAACTGCT ATGTCTGGAA 300  
 TCTGACGGGG GGCATTGGTG ACGAGGTGAC CCAGCTCATC CCCAAGACTA AGATCCCTGC 360  
 CCACACGCGC CGTACGCCCT GCAGTGTGCG TTCAGCCCCG ACTCCACGCT CCTCGCCACC 420  
 TGCTCGGCCCT GATTAAGACG GTGCAAGATC TGGAAAGGAC TCCAACCTTC TCCCTGATGA 480  
 CGGAGCTGAA GCATCAAGAG CGGCAACCCC GGGGAAGTCC TCCCGCGGCT TGGATGTGGG 540  
 50 GGCCTGCGCT CTCATCGGGG GACTCCAGT ACATCGTCAC TGCTTCCTCG GACAACCTGG 600  
 CCCGGCTCTG GTGTGTGGAG ACTGGAGAGA TCAAGAGAGA GTACGGCGGC CACCAGAAGG 660  
 CTGTTGTCTG CCTGGCCTTC AATGACAGTG TGCTGGGCTA GCCTGTGACC CCTCGGGACN 720  
 TGCCTGGTGC AGGTGGTGGC AGCNTGGAGG GACCCATGCA GCACCCAGGT CAGAGCAGAC 780  
 CCNTNCCCCCT NGCCNNGGCT GCGCCANGCT GGNACCTGAT GGCCCCCTGT GGCCTTGA 840  
 55 CCTGCTGGGC CAGGCTGNCC CTGGGACTCT CAGCCCCCAN GTTGCTTATC CANGATGTGA 900  
 CAGAGCTCGA CCCAAGCCAG GCTGCACACT CTTGGACNTG GGCTAGCCTG CACTGCCNTG 960  
 GGAAAGNTCN CCGGAGGGCC CANAAGCTGC TGAGGGGTNC TGAGGCTGGT GCCCACCCCC1020  
 AAGCTAGTGT GTTCTCTGCC CCTCCCTGCC CGCGTTTCAG GGCCTCGGTC CATAGAGAAC1080

ACCACCACCA TGGCCAGGTG GAAGGGTTTA TTAGTCCCTG CCAGCAGCTG TCCTCCCTGG1140  
 TGCAGGTGGC CTGGCCAGCC CACTGGATTG GGGACGGGCC AGGCTGGGCC AGGTCGGGGG1200  
 CTCAGTCTGG GAGGTAATAA AAGCAGACCG ACACGCAGAT GTTGCTCGGG AAAAAAAAAA1260  
 AAAAAAAAAA AAAAAAAGC CGCTGTCTCC GGGGCCCTC TGCTCGCCGG GCCCAGTAGA1320  
 5 TGGGGGTCCT CATGCACAGG CGCTGCACCA AAGCCCCCGC CTGGGCGGTA GCCACTTACG1380  
 AGGCTCCCCCT GCACTGCCAG CAGCTCCTGG GTGTGGTGGG TGTCTGGCT GGGGACCCAA1440  
 GCCTCTTGGG CCTTGAGGT ATCCACCAGC AGCCGCAGGT CTCCCGATCA CTGTCTCCA1500  
 TCAGGCGGAG GAAGCAGACC TGGTGCTCCT CAGGGCGGTA ACAGATGCAG CCGCTCTGCC1560  
 CGTCGAACAG 1570

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1768 Basenpaare  
 15 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 20 hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

ACCACCACCA TGGCCAGGTG GAAGGGTTTA TTAGTCCCTG CCAGCAGCTG TCCTCCCTGG1140  
 TGCAGGTGGC CTGGCCAGCC CACTGGATTG GGGACGGGCC AGGCTGGGCC AGGTGCGGGG1200  
 CTCAGTCTGG GAGGTAATAA AAGCAGACCG ACACGCAGAT GTTGCTCGGG AAAAAAAAAA1260  
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA CGCTGTCTCC GGGGCCCCCTC TGCTCGCCGG GCCCAGTAGA1320  
 5 TGGGGTCTCT CATGCACAGG CGCTGCACCA AAGCCCCCGC CTGGGCGGTA GCCACTTACG1380  
 AGGCTCCCTT GCACTGCCAG CAGCTCCTGG GTGTGGTGGG TGTCTGGCT GGGGACCCAA1440  
 GCCTCTTGA CCTTGGAGGT ATCCACCAGC AGCCGCAGGT CTCCCGATCA CTGTCTCCA1500  
 TCAGGCGGAG GAAGCAGACC TGGTGCTCCT CAGGGCGGTA ACAGATGCAG CCGCTCTGCC1560  
 CGTCGAACAG 1570

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1768 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 608

35 GCACAATCCC GGCTCACTGC AACCTCCAAC TCCTGGGTTT AAGCGATTCT CCCGTCTCTA 60  
 CAAAGTATAC AAAAAAATTA GCCAGGCATG GTGGTGCGTG CCTGTAATCC CAGCTACTTG 120  
 GGAGGCTGGG GCACAGGAAT CCTTTGAACT TGGGAGGCAG AGGTTGCAGT GAGCTGAAAT 180  
 CACACTACTG CCCCCCAGCC TGGGCAACAG AGCAAGACTC TGTCTCGAAA AAAAAAAG 240  
 AAAACAATGA AGGAAAAGGA GGGTGAGTTA GCTGGAGTAG AATAGAGGTA TAGAATCGTT 300  
 40 CCTAATAAC CGGCTGCATT GGTTCCTTGG AGACTTGCTA AAAACCCAGA TTCCAGGCC 360  
 CCACTTCTTG GTGCTCCTAA TTCAGTAGCA TCACAGTAGG GTTCCAGAAG CGGTATTTT 420  
 AACAAGCTCC CAGGTAATTC TGATGTGCAC CTAGATTTGG AAATCACTGT GTTAAAAAT 480  
 ATTGTGAGGT AAGTTGGTCA GTTAGGTTGG GCAGCTTTTA TTTCATTGCT AAGGGATTTG 540  
 GACTTGATGG TGTAATAAAG CATTAAATGA ACAAATATTT ATGGAGCCTG TACTATGTAC 600  
 45 CAGATGCAGA CTGTGCTAGC GGTGGGGAT ACAGTGATGA CTTGGTCTGC CTCTAGGTGG 660  
 CAGGGAGCCA TTTTGGGTTT TCGAACAGAA AAGTGACATA ATGAATGCTG AGTTCTTAGG 720  
 AAGATTAATC CAGGAGTAGT CTCCAGGATG TACTGGAAGG AGAGAAGCTG AAACCAGGGA 780  
 GGCTGCTGTG TTTGCACTG GCTGCCAGT GCTACCTCTG CAGAGACAAT CAATGTCCTG 840  
 AAGGTAGCTG GTATGCTGTG GTGCACTGAC ACGAGCCTTC CTACCAAGCC CCAGGGGCTC 900  
 50 CATGCTGGAG AATGCACGTA GGGCTAGGGT GAGCACTAAC TTCACTTCAG GAGAGCAAGG 960  
 AACAGTGTGG CTCTTCCATT TTTCAGTTCT GTAAGCACAT CACCCTTTTC TCCTCCCCTT1020  
 GAGCTGTGTT CTCTGACAGC TGTTTGTGG TAAAGCCAGC AGCCCTAAA GCACGTCCCA1080  
 GCCTTGCTCT CTCTGTGCTT TCCCCACCA CTGCTGCTGC ACGCCTCATT TGCTGGGCCA1140  
 CTTTAGTGGT GGAACCATTA GAGGCTGAGT GACTTAAAGG AGATTGAGTC TGTCTCGACC1200  
 55 CCGAGAGAGA GTGGGATGGA TGGATGCATC GTCTCATTTA GAAAGTGTTG CCTCTGACTC1260  
 TAACACACTC TTCTCTCTTT CTTTACCGCC CTCCCTGTGT GCGTCCCTGG GGGGGCGTGG1320  
 GCTAAACCCC TTCCGTCCCC CTTTCTCCTT CTCTCTCACA GTGTAGGCAC CACTTCTCTT1380  
 ACAATTTAGG CTTTCTCTCT GCCTTGGGCT GAGTGAGGAA GAGGAGTGCT GTTCTGCCT1440

TCCTAGCCCA GCTGGGTCTG ACCAGAGGCT ACTGTGTACC CATTTACCAT GCGTGATTGT1500  
 TAACTCAGAG TGGGGTGTAG CCAGGTATTG ACTGAATGTA TGTTCTTGCT GACCTGTGTT1560  
 TTTTCTGTGA GGGACCAAAG CAGTATCCTT ACAATAATCT GTACCTGGAA CGAGGCGGTG1620  
 ATCCCTCCAA AGAACCAGAG CGGGTGGTTC ACTATGAGAT CTGAGGAGGC TTCGTGGGCT1680  
 5 TTTGGGTCCCT CTAAC TAGGA CTCCCTCATT CCTAGAAATT TAACCTTAAT GAAATCCCTA1740  
 ATAAACTCA GTGCTGTGTT AAAAAAAA 1768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1001 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 609

TAAGGAGACT GAAAGGTGAT TCATTTAGTG AGTAGCGATT ACAGAATTC TAAAACAGTG 60  
 GGGGCGGGGG GGGCGGCGGG GAGGAGGGCT GGAATTGTCC TCCAGCGCAT ACAAGGTTGT 120  
 TGCTGCCAGA GAAATCCAGC AGGAAAGAGC AGCATTCTTT CACCTTTTCC GCCTCTGAAG 180  
 35 CGGAGGAGAA CTTCAATTCC CAGCAGCCCT TAAGATTCCCT CCGCGCACTG CGTAGCGTCT 240  
 CCGGCATTCT GCTTTCCGGC GCTCTGCCTT CCGGTGCGTC GTTTACGGCC AGTTTGAACC 300  
 AAAGACGCCC AANGGTTGAG GCCGAGNTTC CAGAGCATGG GGTCTCGGTT GTCCAGCCT 360  
 TTTGAGTCTT ATATCACTGC GCCTCCCGGT ACCGCCGCCG CGCCCGCAA ACCTGCGNCC 420  
 CCCAGCTACA CCCGAGCGC CGACCTNCCC CNAGCAGAAC ACCGCCTNGT TGAAGANCC 480  
 40 GCTGGAGCTG TCGNCGTNGC TTCTGGGTT GGGGCTGATG GGGGNNCGGG CGGGTACGTG 540  
 TACNTGGGTG GCANCGGAAG CCCATGAAGA TNGGGATACC CCCCAGTNC CATGGACCNA 600  
 TTACNGCAGA TGGTCATCGN NGCCTCANGC NATTGCCACC TNGGGGTANT CGTTGNCAT 660  
 NGGCAGACCC CAAAGGGAAN GGCTANCCG CGTTGTTTNG AAAGNTACCA CCANGTGAAT 720  
 NCTGTCTTCT GTCTNCTNGT CCCNTTNC CCGTGACACA CAGAGCAGGC ATGGAATTTA 780  
 45 ATGGGNTGTT CTGGNACNAG ACACTTGATC ATGGACAGAC ATCACTACTN NGTGGATACT 840  
 NNACAAGACT GAAAAGNAAA ATCGTATGTT GTCATTCTNTC TGGCTANTGG AGTGTGTTGTG 900  
 GCCTTCACAG ATTTACAGG AACCAATAAA TCCCTCAGAG AAGTAAAAAA NAAAAAAA 960  
 AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA A 1001

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2515 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

TCCTAGCCCA GCTGGGTCTG ACCAGAGGCT ACTGTGTACC CATTTACCAT GCGTGATTGT1500  
 TAACTCAGAG TGGGGTGTAG CCAGGTATTG ACTGAATGTA TGTTCTTGCT GACCTGTGTT1560  
 TTTTCTGTA GGGACCAAAG CAGTATCCTT ACAATAATCT GTACCTGGAA CGAGGCGGT1620  
 ATCCCTCCAA AGAACCAGAG CGGGTGGTTC ACTATGAGAT CTGAGGAGGC TTCGTGGGCT1680  
 5 TTTGGGTCTT CTAAC TAGGA CTCCCTCATT CCTAGAAATT TAACCTTAAT GAAATCCCTA1740  
 ATAAACTCA GTGCTGTGTT AAAAAAAA 1768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1001 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 609

TAAGGAGACT GAAAGGTGAT TCATTTAGTG AGTAGCGATT ACAGAATTC TAAACAGTG 60  
 GGGGCGGGGG GGGCGCGGG GAGGAGGGCT GGAATTGTCC TCCAGCGCAT ACAAGGTTGT 120  
 TGCTGCCAGA GAAATCCAGC AGGAAAGAGC AGCATTCTTT CACCTTTTCC GCCTCTGAAG 180  
 35 CGGAGGAGAA CTTTATTTC CAGCAGCCCT TAAGATTCTT CCGCGCACTG CGTAGCGTCT 240  
 CCGGCATTCT GCTTTCGGC GCTCTGCCTT CCGGTGCGTC GTTACGGCC AGTTTGAACC 300  
 AAAGACGCCC AANGGTTGAG GCCGAGNTTC CAGAGCATGG GGTCTCGGTT GTCCCAGCCT 360  
 TTTGAGTCTT ATATCACTGC GCCTCCCGGT ACCGCCGCCG CGCCCGCCAA ACCTGCGNCC 420  
 CCCAGCTACA CCCGGAGCGC CGACCTNCCC CNAGCAGAAC ACCGCCTNGT TGAAGANCTT 480  
 40 GCTGGAGCTG TCGNCGTNGC TTTCTGGGTT GGGGCTGATG GGGGNCGGG CGGGTACGTG 540  
 TACNTGGGTG GCANCGGAAG CCCATGAAGA TNGGGATACC CCCCAGTNC CATGGACCNA 600  
 TTACNGCAGA TGGTCATCGN NGCCTCANGC NATTGCCACC TNGGGGTANT CGTTGTNCAT 660  
 NGGCAGACCC CAAAGGGAAN GGCCTANCCG CGTTGTTTNG AAAGNTACCA CCANGTGAAT 720  
 NCTGTCTTCT GTCTNCTNGT CCCNTTNNCC CCGTGACACA CAGAGCAGGC ATGGAATTTA 780  
 45 ATGGGNTGTT CTGGNACNAG ACATTGTAC ATGGACAGAC ATCACTACTN NGTGGATACT 840  
 NNACAAGACT GAAAAGNAAA ATCGTATGTT GTCATTCTNTC TGGCTANTGG AGTGTTTGTG 900  
 GCCTTCACAG ATTTACACAG AACCAATAAA TCCCTCAGAG AAGTAAAAA NAAAAAAA 960  
 AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA A 1001

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2515 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 610

```

GGTGTGGAAA CTA CTGCAAA TAGTAGCACT TCACTGAGAT CTACAACCTCT TGAAAAAGAA 60
GTTCTGTGCA TCTTCATCCA CCCTTTAAAC ACTGGATTAT TCCGGATAAA AATCAAGGA 120
20 GCCACTGGAA AATTTAATAT GGTATCCCTT CTGTGGATG GGATGATTGT CAGCAGGCGA 180
GCTCTTGGCT TTCTGGTGAG GCAGACTGTA ATTAACATTT GTAGAAGAAA GAGACTGGAA 240
AGTGACTCCT ACAGTCCCCC CATGTCCGCC GGAAACAGAA AATCACCGAC ATTGTCAACA 300
AGTACCGGAA CAAGCAGCTG GAGCCAGAGT TTTATACTTC ACTTTTCCAG GAGGTGGAC 360
TCAAGAAGCTG CAGTTCTTAG ACCACTGAAT TTCTAAGACT GTTGAACCTC AGTTTGGGAA 420
25 CTATAACACA GCAGAACAGT TTGATAGGTG ATCACTGTAA AAATAAAAAC AAATCACTCC 480
CAAGAGCTTA CTGTTTAATC ACCAGAATAG AAGAAACACA TTATAACCCA TTTGATAGAA 540
GACTTTGGGC TATCTAGTGA AATGGGCTCC CAGACACAAT CATACTCCTG CTGATAATGA 600
TGATATACAT TTTAGCCATA AACTTCTTT TAAAAGTGAC AATTTTAGTT AAACATAAGC 660
CTTTTGAGGA GAAAGGCTTT TATGCATCTC AGTTAAACAC GTGCATTGGT AGTATCAACA 720
30 AATTTGCAAT ATAGAAGTTG AAGATAGTTT TTTNCCTCAC TTTTATAGGAG GCTGTATTCA 780
AAATTAAAT CTCAGAATCT TACAGGACAT TTAAGGACT CATGTTGATA GCATGGAGGA 840
GAAGGAAAGA AGTACAGCC TTCTACTCAG TTGTAGGTCT TCTGTGCATC CAGCTGTCAC 900
ACTGACAAA AGAAAAGATG ATANCATGTT TTTTGCTCA GATAAGAAGC CTGACATTAA 960
AAGATGTCAT ATTTTCTTCT CCACATTTCA AAAAGTTGTC CTCTCATCA CTGCACAGAT 1020
35 CTGTCTGAAA GCCTCAGTTT CTGAGTGACC CAGGAACAGA TCAGAAATGG AGCATGGCCT 1080
TGTCCTTTAA TGGGGATGCA AATAAAGTTT GTGGGGTTAA AAGTTATAAG ACAGCAGTGA 1140
TACCCCACTC TCTCCATTAT TGTCCAGCGG GGTGACATAA TGACAGGTTA AATATTTGTG 1200
ATTCATTGAT TAAATATTAT TTAAGAAAT GTAAAAAATA AAAAAAGGTT GAAAATTATT 1260
40 TGGTTTCATC CATTGTCTCT TATTTAGGA CCAAGCAGCA AACTGCAGTA GTTTGTGAAG 1320
GATTCTAATA TGGGGTTCAG GAATAGCCTC TCAACGCTAC TAATTCAGAT CTCTCCCAGA 1380
GAAGTACTGG ATTTCTCAT AATTGACAAA CATGAGTGAC CACCTCTTTG GGTGGCTACT 1440
GTTAGAAATG GCTGTTGTCA TGTTTTCTGG ACTTTGCCAG CCAACAGATC CCTGCCAGGT 1500
TTTGGAATA CTTCTATTAC CTCGCTGCTA CTTTTCTGCA GGGATAAAAC TTTTGNAGGT 1560
45 GGCCAGACCC AGAACATCCA AGGATTCCTG TTACAGTGCT ACAGTATACA CTGCTCATTT 1620
ATCCTATTCT CATGTGCTTT CTCTTTTAGT AAGATTATTT TAAGAAAATA AGTGATATTT 1680
AAAGTCCAAA GAGGAATGAT CACAGTTGTA TAAGGGGTGT TTTCCCACTT GAAGTCTGAT 1740
GTCAGTCGAC TGTGGGTCAG AGCTACAACC ATCTGTTTGG TTTGATGTTT TGGTGGTTTA 1800
CTTACGGAGT GGGGATAGTG TGAGACCTAA TTCCCTGTGC AAATGTCTCT TATCCAGAA 1860
50 ATGTGCATTT TGTCATCTAT AAGCAAGAAA TATGGGCATA GCAGCTCTTG GTTTAAANGT 1920
TTGCCATAAC CTGTTTCATG TTGTTTTAAG CTCAGGTAAA GATAACCTCC NTCTTTCTAT 1980
GACTCCAGTT TCCATTACAG TTATAGTATT ATTCAATAGT TGATTTTCTT TTTAAGCTNG 2040
GGCAATAAAT TGATGTTTCC AGATGGTAAC ATGGGGANGAG GGCATATAGG ATAAAGATNG 2100
AGCAAATTCT ACCCTAAAAA TGNTTCTAGT AGTTCACAGG AAGAAGATGA GGTTTAAATA 2160
CTTTCAAGGT AATCTAGAT TGACATTTN GAGGGGAAAA TGGGCTCTTG TTCTAGTTGA 2220
55 AGTGAGCAGA GAANGGCTAT NAAATTAATA TGTAANCTTA CAGCATTTCA GAGGTTAAAA 2280
ATAACTGATG CAGATGTACT TCTTCAGTGT GATTCTTCTCAG ATCAAACCTT TACTTTGGC 2340
ATAGTTAATT TCAGAAAAAT GTGCTGTATG TGTGTGTGTA TGAGGGTTGG TCTTGCTGAT 2400
CCTTCAGTTA GCTCTAAATT CTGGCAACTC CTTGTAATTC CCATGTATTT GATACCATGA 2460
ACCAATCATG TTGAATGCGT TTGGTGATCT GGGGAGCCTC CCCCCTCTTC CCAGG 2515

```



(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 610

```

GGTGTGGAAA CTACTGCAAA TAGTAGCACT TCACTGAGAT CTACAACTCT TGAAAAAGAA 60
GTTTCTGTCA TCTTCATCCA CCCTTTAAAC ACTGGATTAT TCCGGATAAA AATTCAAGGA 120
20 GCCACTGGAA AATTTAATAT GGTTCATCCCT CTTGTGGATG GGATGATTGT CAGCAGGCGA 180
GCTCTTGGCT TTCTGGTGAG GCAGACTGTA ATTAACATTT GTAGAAGAAA GAGACTGGAA 240
AGTGACTCCT ACAGTCCCCC CATGTCCGCC GGAAACAGAA AATCACCGAC ATTGTCAACA 300
AGTACCGGAA CAAGCAGCTG GAGCCAGAGT TTTATACTTC ACTTTTCCAG GAGGTTGGAC 360
TCAAGAACTG CAGTTCTTAG ACCACTGAAT TTCTAAGACT GTTGAAGTCC AGTTTGGGAA 420
25 CTATAACACA GCAGAACAGT TTGATAGGTG ATCACTGTAA AAATAAAAAA AAATCACTCC 480
CAAGAGCTTA CTGTTTAATC ACCAGAATAG AAGAAACACA TTATAACCCA TTTGATAGAA 540
GACTTTGGGC TATCTAGTGA AATGGGCTCC CAGACACAAT CATACTCCTG CTGATAATGA 600
TGATATACAT TTTAGCCATA AACTTTCTTT TAAAAGTGAC AATTTTAGTT AAACATAAGC 660
CTTTTGAGGA GAAAGGCTTT TATGCATCTC AGTTAAACAC GTGCATTGGT AGTATCAACA 720
30 AATTTGCAAT ATAGAAGTTG AAGATAGTTT TTTNCCTCAC TTTTAGGAG GCTGTATTCA 780
AAATTAAAT CTCAGAATCT TACAGGACAT TTAAAGGACT CATGTTGATA GCATGGAGGA 840
GAAGGAAAGA AGTCACAGCC TTCTACTCAG TTGTAGGTCT TCTTGTCATC CAGCTGTCAC 900
ACTGACAAAA AGAAAAGATG ATANCAATGTT TTTTGTCTCA GATAAGAAGC CTGACATTAA 960
AAGATGTCAT ATTTTTTTCT CCACATTTC AAAAGTTGTC CTTCTCATCA CTGCACAGAT 1020
35 CTGCTGAAA GCCTCAGTTT CTGAGTGACC CAGGAACAGA TCAGAAATGG AGCATGGCCT 1080
TGTCCTTTAA TGGGGATGCA AATAAAGTTT GTGGGGTTAA AAGTTATAAG ACAGCAGTGA 1140
TACCCCACTC TCTCCATTAT TGTCCAGCGG GGTGACATAA TGACAGGTTA AATATTTGTG 1200
ATTCATTGAT TAAATATTAT TTAAAGAAAT GTAAAAAATA AAAAAAGGTT GAAAATTATT 1260
TGGTTTCATC CATTGTCTCT TATTTCAAGG CCAAGCAGCA AACTGCAGTA GTTTGTGAAG 1320
40 GATTCATAA TGGGGTTCAG GAATAGCCTC TCAACGCTAC TAATTCAGAT CTCTCCAGA 1380
GAACTACTGG ATTTCTCAT AATTGACAAA CATGAGTGAC CACCTCTTTG GGTGGCTACT 1440
GTTAGAAATG GCTGTTGTCA TGTCTTCTGG ACTTTGCCAG CCAACAGATC CCTGCCAGG 1500
TTTGGAATA CTTCTATTAC CTCGCTGCTA CTTTCTGCA GGGATAAAAC TTTGNAGGT 1560
GGCCAGACCC AGAATATCCA AGGATTCCTG TTACAGTGCT ACAGTATACA CTGCTCATTT 1620
45 ATCCTATTCT CATGTGCTTT CTTCTTTAGT AAGATTATTT TAAGAAAATA AGTGATATT 1680
AAAGTCCAAA GAGGAATGAT CACAGTTGTA TAAGGGGTGT TTTCCCACTT GAACTCTGAT 1740
GTCAGTCGAC TGTGGGTCAG AGCTACAACC ATCTGTTTGG TTTGATGTTT TGGTGGTTA 1800
CTTACGGAGT GGGGATAGTG TGAGACCTAA TTCCCTGTGC AAATGTCTCT TATTCCAGAA 1860
ATGTGCATTT TGTCATCTAT AAGCAAGAAA TATGGGCATA GCAGCTCTTG GTTTAAANGT 1920
50 TTGCCATAAC CTGTTTCATG TTGTTTAAAG CTCAGGTAAA GATAACCTCC NTCTTTCTAT 1980
GACTCCAGTT TCCATTTCAGG TTATAGTATT ATTCAATAGT TGATTTTCTT TTTAAGCTNG 2040
GGCAATAAAT TGATGTTTCC AGATGGTAAC ATGGGGANGAG GGCATATAGG ATAAAGCTNG 2100
AGCAAATTCT ACCCTAAAAA TGNTTCTAGT AGTTCACAGG AAGAAGATGA GGTTTAATAA 2160
CTTTCAAGGT AATTCTAGAT TGACATTTTN GAGGGGAAAA TGGGCTCTTG TTCTAGTTGA 2220
55 AGTGAGCAGA GAANGGCTAT NAAATTAATA TGTAANCTTA CAGCATTTCA GAGGTTAAAA 2280
ATAACTGATG CAGATGTACT TCTTCAGTGT GATTCTTCAG ATCAAACCTT TACTTTTGGC 2340
ATAGTTAATT TCAGAAAAAT GTGCTGTATG TGTGTGTGTA TGAGGGTTGG TCTTGCTGAT 2400
CCTTCAGTTA GCTCTAAAT CTGGCAACTC CTTGTAATTC CCATGTATTT GATACCATGA 2460
ACCAATCATG TTGAATGCGT TTGGTGATCT GGGGAGCCTC CCGGTCTTC CCAGG 2515

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 818 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 611

25

TTTTTTTTTT ATTTAAAGCC TGGATTGTAA CCAGATTTTC TTTTTCCTCC CTTCTCAGCT 60  
 GTAGATATGA TATCTCCTTT CAGGGCCCCA GCTTAAGGGC AAAGTGAGTT AATGTGTAGA120  
 CAAAGGCGAG GGACAAGAGA GAGTTAACAT CTAGACAGTG GAAAAAGCCA TGGTGTGTGG180  
 TTTCTGGGAA CCACCAACAC TTGCAGGTTT AGCTTTTTC CAGGGTTGAC TACAAGAAAG240  
 30 AAAACCATGT TTTTGCAAGA TTTAAATGTG GTTGAGTGTG CCTAAATTA CCATCCCCAT300  
 TTTTATCATA TTCCACCAT CACTTCAGGG TTTTAAGAGT CAGTGCTCAC CTGGGCGGAG360  
 CTGGTAGTAC ATTTTGCTTC TTAGAAAGCT AAGTCCTGGG TTCCGTCTGA TTTTAGGTTC420  
 CAGGAACCTC CTGAGAACAC CCGATCGCAG AGGGTAATTT TCTGGAGTTT GTTTTGCAGG480  
 GATAGCTGGG AGTATGGCCA CCCTGCTCCA CGATGCGGTA ATGAATCCAG CAGAAGTGGT540  
 35 GAAGCAGCGC TTGCAGATGT ACAACTCGCA GCACCGGTCA GCAATCAGCT GCATCCGGAC600  
 GGTGTGGAGG ACCGAGGGGT TGGGGGCCCTT CTACCGGAGC TACACCACGC CAGCTGACCA660  
 TGAACATCCC CTTCAGTCC ATCCACTTCA TCACCTATGA GTTCCTGCAG GAGCAGGTCA720  
 ACCCCACCG GACCTACAAC CCGCAGTCCC ACATCATCTC AGGCGGGCTG GCCGGGGCCC780  
 TTGCCCGGCG GCGAGGGGC CCCCTGGACG TTTTAAGA 818

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1024 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 818 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 611

25 TTTT TTTT TTTT ATTTAAAGCC TGGATTGTAA CCAGATTTTC TTTT TTTT CCCC CTTCTCAGCT 60  
 GTAGATATGA TATCTCCTTT CAGGGCCCCA GCTTAAGGGC AAAGTGAGTT AATGTGTAGA120  
 CAAAGGCGAG GGACAAGAGA GAGTTAACAT CTAGACAGTG GAAAAAGCCA TGGTGTGTGG180  
 TTTCTGGGAA CCACCAACAC TTGCAGGTTT AGCTTTTTC CAGGGTTGAC TACAAGAAAG240  
 30 AAAACCATGT TTTTGCAAGA TTAAATGTG GTTGAGTGTG CCTAAATTAA CCATCCCCAT300  
 TTTTATCATA TTTCCACCAT CACTTCAGGG TTTTAAGAGT CAGTGCTCAC CTGGGCGGAG360  
 CTGGTAGTAC ATTTTGCTTC TTAGAAAGCT AAGTCCTGGG TTCCGTCTGA TTTTAGGTTC420  
 CAGGAACTTC CTGAGAACAC CCGATCGCAG AGGGTAATTT TCTGGAGTTT GTTTTGCAAG480  
 GATAGCTGGG AGTATGGCCA CCCTGCTCCA CGATGCGGTA ATGAATCCAG CAGAAGTGGT540  
 35 GAAGCAGCGC TTGCAGATGT ACAACTCGCA GCACCGGTCA GCAATCAGCT GCATCCGGAC600  
 GGTGTGGAGG ACCGAGGGGT TGGGGGCCCT CTACCGGAGC TACACCACGC CAGTGACCA660  
 TGAACATCCC CTTCCAGTCC ATCCACTTCA TCACCTATGA GTTCCTGCAG GAGCAGGTCA720  
 ACCCCACCG GACCTACAAC CCGCAGTCCC ACATCATCTC AGGCGGGCTG GCCGGGGCCC780  
 40 TTGCCGCGGC GCGGAGGGGC CCCCTGGACG TTTTAAGA 818

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1024 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 612

10

GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGCGGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60  
 GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120  
 GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180  
 CTGGAGCTCT CGGTCCTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240  
 15 ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300  
 TTCTATCGGG CTTTCGGATT CTCCCCTTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360  
 CAGCGGTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCCA GGGCTTCACT 420  
 GAATTACAA TTTAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480  
 CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540  
 20 GTGGTCTACC TCGGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600  
 CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660  
 TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC 720  
 CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG 780  
 GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CCTTCTCTAC CGGCCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA 840  
 25 TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900  
 ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTACC CCCTTCTTCC TGTCACATGA 960  
 CCCCCCCCA TGTTTTATTA AAGGGGTGTC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1020  
 AAAA 1024

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1322 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 35 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 613

GCTGACCACG ACATGTGTCT CCTCCTCTGC ACCTTCCAAG ACCTCCTTAA TAATGAACCC 60  
 55 ACATGCCTCT ACCAATGGAC AGCTCTCAGT CCACACTCCC AAAAGGGAAA GTTTGTCCCA 120  
 TGAGGAGCAC CCCCATAGCC ATCCTCTCTA TGGACATGGT GTATGCAAGT GGCCAGGCTG 180

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 612

10  
 15  
 20  
 25  
 30  
 35  
 40  
 45  
 50  
 55

```

CGGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGCGGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120
GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180
CTGGAGCTCT CGGTCTTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240
ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300
TTCTATCGGG CTTCGGATT CTCCCCTTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360
CAGCGGTTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCA GGGCTTCACT 420
GAATTCACAA TTGAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480
CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540
GTGGTCTACC TCGCGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600
CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660
TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC 720
CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG 780
GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CCTTCTCTAC CGGCCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA 840
TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCTT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900
ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTTACC CCCTTCTTCC TGTCACATGA 960
CCCCCCCCCA TGTTTTATTA AAGGGGGTGC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1020
AAAA
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1322 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 613

55

```

GCTGACCACG ACATGTGTCT CCTCCTCTGC ACCTTCCAAG ACCTCCTTAA TAATGAACCC 60
ACATGCCTCT ACCAATGGAC AGCTCTCAGT CCACACTCCC AAAAGGGAAA GTTTGTCCCA 120
TGAGGAGCAC CCCCATAGCC ATCCTCTCTA TGGACATGGT GTATGCAAGT GGCCAGGCTG 180
  
```

```

TGAAGCAGTG TGCGAAGATT TCCAATCATT TCTAAAACAT CTCAACAGTG AGCATGCGCT 240
GGACGATAGA AGTACAGCCC AATGTAGAGT ACAAATGCAG GTTGTACAGC AGTTAGAGCT 300
ACAGCTTGCA AAAGACAAAG AGCGCCTGCA AGCCATGATG ACCCACCTGC ATGTGAAGTC 360
TACAGAACCC AAAGCCGCCC CTCAGCCCTT GAATCTGGTA TCAAGTGTCA CTCTCTCCAA 420
5 GTCCGCATCG GAGGCTTCTC CACAGAGCTT ACCTCATACT CCAACGACCC CAACCGCCCC 480
CCTGACTCCC GTCACCCAAG GCCCCTCTGT CATCACAACC ACCAGCATGC ACACGGTGGG 540
ACCCATCCGC AGGCGGTACT CAGACAAATA CAACGTGCCC ATTTTCGTGAG CAGATATTGC 600
GCAGAACCAA GAATTTTATA AGAACGCAGA AGTTAGACCA CCATTTACAT ATGCATCTTT 660
AATTAGGCAG GCCATTCTCG AATCTCCAGA AAAGCAGCTA AACTTAAATG AGATCTATAA 720
10 CTGGTTCACA CGAATGTTTG CTTACTTCCG ACGCAACGCG GCCACGTGGA AGAATGCAGT 780
GCGTCATAAT CTTAGTCTTC ACAAGTGTTT TGTGCGAGTA GAAAACGTTA AAGGGGCAGT 840
ATGGACAGTG GATGAAGTAG AATTCCAAAA ACGAAGGCCA CAAAAGATCA GTGGTAACCC 900
TTCCCTTATT AAAAACATGC AGAGCAGCCA CGCCTACTGC ACACCTCTCA ATGCAGCTTT 960
ACAGGCTTCA ATGGCTGAGA ATAGTATACC TCTATACACT ACCGCTTCCA TGGGAAATCC1020
15 CACTCTGGGC AACTTAGCCA GCGCAATACG GGAAGAGCTG AACGGGGCAA TGGAGCATAC1080
CAACAGCAAC GAGAGTGACA GCAGTCCAGG CAGATCTCCT ATGCAAGCCG TGCATCCTGT1140
ACACGTCAAA GAAGAGCCCC TCGATCCAGA GGAAGCTGAA GGGCCCCCTGT CCTTAGTGAC1200
AACAGCCAAC CACAGTCCAG ATTTTGACCA TGACAGAGAT TACGAAGATG AACCAGTAAA1260
CGAGGACATG GAGTGACTAT CGGGGCGGGC CAACCCGAG AATGAAGATT GGAAAAAGGA1320
20 AA
1322

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 4458 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 614

45

```

GCCCCGGCGTT AACAAAGGGA GCCGATACCG ACCGGCGTGG GCGCGGAGCG GGCGGCCGCC 60
ACCGAGCGTG CTGAGCAACC GCAGCCTCCG CGGCCGAGAG TGCAGCGAGC AAGGGGACAA 120
AAAGTTCCGC AAAGCCCGCA CAACCAGCAC CACAGAGAGA AGGGAAGAAC GGCATCCAGC 180
CCACCAGAAA TGGACCGACA CACCTCAGCA TCTCCAAACC CCGCAGCACA CGTGACCATA 240
50 AACCAAGCAA GATGAGTTT GATCATCCTG AGAAAAATGG GCCTTGGCCT GCAGACCCAA 300
TAAACCTTCC CTCCCATGGA TAATAGTGCT AATTCCTGAG GACCTGAAGG GCCTGCCGCC 360
CCTGGGGGAT TAGCCAGAAG CAGGCTTGTT TTCCTGCTCA GAACAAAGTG ACTTCCCTGA 420
ACACATCTTC ATTATGATTC ACACCAACCT GAAGAAAAAG TTCAGCTGCT GCGTCCTGGT 480
CTTCTCTCTG TTTGCAGTCA TCTGTGTGTG GAAGGAAAAG AAGAAAGGGA GTTACTATGA 540
55 TTCCTTTAAA TTGCAACCA AGGAATTCCA GGTGTTAAAG AGTCTGGGGA AATTGGCCAT 600
GGGGTCTGAT TCCAGTCTG TATCCTCAAG CAGCACCCAG GACCCCAACA GGGGCCGCCA 660
GACCTCGGC AGTCTCAGAG GCCTAGCCAA GGCCAAACCA GAGGCCTCCT TCCAGGTGTG 720
GAACAAGGAC AGCTCTTCCA AAAACCTTAT CCCTAGGCTG CAAAAGATCT GGAAGAATTA 780

```

TGAAGCAGTG TGCGAAGATT TCCAATCATT TCTAAAACAT CTCAACAGTG AGCATGCGCT 240  
 GGACGATAGA AGTACAGCCC AATGTAGAGT ACAAATGCAG GTTGTACAGC AGTTAGAGCT 300  
 ACAGCTTGCA AAAGACAAAG AGCGCCTGCA AGCCATGATG ACCCACCTGC ATGTGAAGTC 360  
 TACAGAACCC AAAGCCGCCC CTCAGCCCTT GAATCTGGTA TCAAGTGTCA CTCTCTCCAA 420  
 5 GTCCGCATCG GAGGCTTCTC CACAGAGCTT ACCTCATACT CCAACGACCC CAACCGCCCC 480  
 CCTGACTCCC GTCACCCAAG GCCCCTCTGT CATCACAACC ACCAGCATGC ACACGGTGGG 540  
 ACCCATCCGC AGGCGGTACT CAGACAAATA CAACGTGCCC ATTTCTGTCA CAGATATTGC 600  
 GCAGAACCAA GAATTTTATA AGAACGCAGA AGTTAGACCA CCATTTACAT ATGCATCTTT 660  
 AATTAGGCAG GCCATTCTCG AATCTCCAGA AAAGCAGCTA AACTAAATG AGATCTATAA 720  
 10 CTGGTTCACA CGAATGTTTG CTTACTTCCG ACGCAACGCG GCCACGTGGA AGAATGCAGT 780  
 GCGTCATAAT CTTAGTCTTC ACAAGTGTTC TGTGCGAGTA GAAAACGTTA AAGGGGCAGT 840  
 ATGGACAGTG GATGAAGTAG AATTCCAAAA ACGAAGGCCA CAAAAGATCA GTGGTAACCC 900  
 TTCCCTTATT AAAAACATGC AGAGCAGCCA CGCCTACTGC ACACCTCTCA ATGCAGCTTT 960  
 ACAGGCTTCA ATGGCTGAGA ATAGTATACC TCTATACACT ACCGCTTCCA TGGGAAATCC1020  
 15 CACTCTGGGC AACTTAGCCA GCGCAATACG GGAAGAGCTG AACGGGGCAA TGGAGCATAC1080  
 CAACAGCAAC GAGAGTGACA GCAGTCCAGG CAGATCTCCT ATGCAAGCCG TGCATCCTGT1140  
 ACACGTCAAA GAAGAGCCCC TCGATCCAGA GGAAGCTGAA GGGCCCCGTG CTTAGTGAC1200  
 AACAGCCAAC CACAGTCCAG ATTTTGACCA TGACAGAGAT TACGAAGATG AACCAGTAAA1260  
 CGAGGACATG GAGTGACTAT CGGGGCGGGC CAACCCCGAG AATGAAGATT GGAAAAAGGA1320  
 20 AA 1322

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 4458 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 614

45

GCGCGGCGTT AACAAAGGGA GCCGATACCG ACCGGCGTGG GCGCGGAGCG GGCGGCCGCC 60  
 ACCGAGCGTG CTGAGCAACC GCAGCCTCCG CGGCCGAGAG TGCAGCGAGC AAGGGGACAA 120  
 AAAGTTCGCG AAAGCCCGCA CAACCAGCAC CACAGAGAGA AGGGAAGAAC GGCATCCAGC 180  
 CCACCAGAAA TGGACCGACA CACCTCAGCA TCTCCAAACC CCGCAGCACA CGTGACCATA 240  
 50 AACCAGCAAA GATGAGTTTT GATCATCCTG AGAAAAATGG GCCTTGGCCT CGAGACCCAA 300  
 TAAACCTTCC CTCCCATGGA TAATAGTGCT AATTCCTGAG GACCTGAAGG GCCTGCCGCC 360  
 CCTGGGGGAT TAGCCAGAAG CAGGCTTGTT TTCCTGCTCA GAACAAAGTG ACTTCCCTGA 420  
 ACACATCTTC ATTATGATTC ACACCAACCT GAAGAAAAAG TTCAGCTGCT GCGTCCTGGT 480  
 CTTTCTTCTG TTTGCAGTCA TCTGTGTGTG GAAGGAAAAG AAGAAAGGGA GTTACTATGA 540  
 55 TTCCTTTAAA TTGCAACCA AGGAATTCCA GGTGTTAAAG AGTCTGGGGA AATTGGCCAT 600  
 GGGGTCTGAT TCCCAGTCTG TATCCTCAAG CAGCACCCAG GACCCCAACA GGGGCCGCCA 660  
 GACCTCGGC AGTCTCAGAG GCCTAGCCAA GGCCAAACCA GAGGCCTCCT TCCAGGTGTG 720  
 GAACAAGGAC AGCTCTTCCA AAAACCTTAT CCCTAGGCTG CAAAAGATCT GGAAGAATTA 780

CCTAAGCATG AACAAGTACA AAGTGTCTTA CAAGGGGGCCA GGACCAGGCA TCAAGTTCAG 840  
 TGCAGAGGCC CTGCGCTGCC ACCTCCGGGA CCATGTGAAT GTATCCATGG TAGAGGTCAC 900  
 AGATTTTCCC TTCAATACCT CTGAATGGGA GGGTTATCTG CCCAAGGAGA GCATTAGGAC 960  
 CAAGGCTGGG CCTTGGGGCA GGTGTGCTGT TGTGTCTGTA GCGGGATCTC TGAAGTCTCT 1020  
 5 CCAACTAGGC AGAGAAATCG ATGATCATGA CGCAGTCTTG AGGTTTAATG GGGCACCAC 1080  
 AGCCAACCTC CAACAAGATG TGGGCACAAA AACTACCATT CGCCTGATGA ACTCTCAGTT 1140  
 GGTACCACA GAGAAGCGCT TCCTCAAAGA CAGTTTGATC AATGAAGGAA TCCTAATTGT 1200  
 ATGGGACCCA TCTGTATACC ACTCAGATAT CCCAAAGTGG TACCAGAATC CGGATTATA 1260  
 TTTCTTTAAC AACTACAAGA CTTATCGTAA GCTGCACCCC AATCAGCCCT TTTACATCCT 1320  
 10 CAAGCCCCAG ATGCCTTGGG AGCTATGGGA CATTCTTCAA GAAATCTCCC CAGAAGAGAT 1380  
 TCAGCCAAAC CCCCCATCCT CTGGGATGCT TGGTATCATC ATCATGATGA CGCTGTGTGA 1440  
 CCAGGTGGAT ATTTATGAGT CCCTCCCATC CAAGCGCAAG ACTGACGTGT GCTACTACTA 1500  
 CCAGAAGTTC TTCGATAGTG CCTGCACGAT GGGTGCCTAC CACCCGCTGC TCTATGAGAA 1560  
 GAATTTGGTG AAGCATCTCA ACCAGGGCAG AGATGAGGAC ATCTACCTGC TTGGAAAAGC 1620  
 15 CACACTGCCT GGCTTCCGGA CCATTCACTG CTAAGCACAG GCTCCTCACT CTTCTCCATC 1680  
 AGGCATTAAA TGAATGGTCT CTTGGCCACC CCAGCCTGGG AAGAACATTT TCCTGAACAA 1740  
 TTCCAGCCTG CTCCTTTTAC TCTAGGGGCC TCTGTCAGCA AGACCATGGG GACTTCAAGA 1800  
 GCCTGTGGTC AGGAAATCAG GTCCAGCCTT CCCTGTAGCC AGACAGTTTA TGAGCCAGA 1860  
 GCCTCCTGCC ACACACATGC ACACATATCT AGCATTTCTT CCAGACAGCA TCCTCCCCGC 1920  
 20 CTTCCACCTT GGTAGATGCA AGGTCTATCT CTCCCATCAG GGCTGCCAAA GCTGGGCTTT 1980  
 GTTTTTCCCA GCAGAATGAT GCCATTCTCA CAAACCAATG CTCTATATTG CTTNGAAGTC 2040  
 TGCATCTAAA TATTGATTTT ACGNTTTTAA AGNAAATTCT NNCCTAAATT ACAATTGTGC 2100  
 CCAATGCAGG GTGGNCTCTN NGGGGGGCAA GTAGGTGGTA CAGGGGATTG GAAACATCCT 2160  
 CCGCGCCTCC AGAGAAAAGT TGCTCCCGAG GTCCATGCCC CTGGAACGTG TTCCTATCAC 2220  
 25 TCTGGCTGGT TGGGCTGGTC CTTAGACTGG GTCTTATGA TTAAGAGGGT CTTGGTTAAG 2280  
 CCCACTTTCC CTCTCCATGT GGAGATGGAA GGTAGAGAAG GATACAGTGT CTATCCTCAA 2340  
 GTTGCTACGG TTCAGTGAGA GAGGCAGACA TCTGAACAGG NCAGGTAGGA TTCAGTGTGC 2400  
 TCAGTGCACCT GGGGATTTGG AGAGAGATGG GCTTGCTCTC TCTGTGCACC CAGGAGGGCC 2460  
 ACGCACTTAA AACTGTGTTT GTGGATCAGA GAAGGCTTTA TAGCACAGGG GGCATTAGA 2520  
 30 TGAGTCTTAG AGGAAGAGAA GAAACATGGC AAGCAGATTA CATCTGAGCC GTTTGAATTG 2580  
 TGTTTTCTT TCTTCCCATG TTTATTTTCT AAGATCTACC TGAACCTAGN AGACTCAAGA 2640  
 TATTTTTTTA GGAAACCTCC TACCCATGTC TGAGGTAGCA AGTGCAGCCT CACGACAGAT 2700  
 ACCAGGCAAT CCAGAGCCAC AAAACGTGAT TCCTCCAGGC TCTGCCTGGC CTGACCCTGT 2760  
 CCTGTACAGT GGGTTTACAT ACCAGTCCCA TTCTTCCTTT TCAATACCTA CCCCCAAATC 2820  
 35 TTCTCCTAAC CACCATCTGT TTTTTTTTGT TTTTAAAGCATT TTTTGCTTTA AAAGCATCCT 2880  
 GACCCCAATT TCTTTGAGCT CACGGGCCCT TTGCTGAAGG TCTCTCAGGG TGATGTGGTG 2940  
 TGCTCTCTG GACTTAACGT CACTCTCAGN AGGTGAGAAC CTTNGGAGAT CAGAAGTATG 3000  
 TCTCACCAGG TGTGAGAGGT GTGGNTANGC AGATTGCAAT GCTCTGCACC TCTTNCCTTG 3060  
 CAAGTGAGNC AACTTNCAGG NCTCTCTGGG NCAGAGGCTG GCCCACTGTA GTTTGCAGAC 3120  
 40 ATGCTCTCCA GATGGNTTTT ACTAAGTCCC CTCTCCCTGN ATANGGGAAT CCTGNCTGGN 3180  
 ACCAGCGCAN GCCCTNNGGT GTNGGANNGA GGTNNAAGG ACTTGNCACA GGNATCACA 3240  
 AGTNCATGCT GNTAGANGCC AGGATTCCTA GACCCAGGGC TCTGCACTCT CAAGGCTGGC 3300  
 CCCATGTGCT CAAGGGGGTC TAATGTTTGG GCTCCAAACT AACCATCTCG GAGCTGGGCT 3360  
 CCTCATTTAC TGCCAAACCC TCAGNCTTAT GTAGCNTAGA AAGGGCCCTG GANGTGNAGA 3420  
 45 AAGCCTGGAT TTTCAAATTG ATGCTCCCCCT ACTNGACTAG NCTGTGCCAC TCNTGGGCAA 3480  
 ATGCTCTTCC TTGAGCCTGT TTCCACACCT GTAAAGTGGG GATGATGATC CTATCTCACT 3540  
 GCTTTTNGTG NAGGATTACA GGNNAAGCA CCTGTCTGG CTCTGTACCT GGCACGTAGT 3600  
 ANGGTGCTCA GTTCATGCTG GTTTCTTCTC TGCTTTTGTG AGGGACCTGC TCTGTGCTCA 3660  
 CACCTCGGCT GCATGCACCC TGCTGTGACG GAGGCTAGTG TGAAGAGGT CCTGTCTCA 3720  
 50 GGAATTAAC TGTCTTATTG GGAGACAACA ACTGTCTCTC TTGGAACACC CAAGAAACCA 3780  
 TGNCAAAGCA GTGGACAACA CAGAACACGN CCCTCCTCCT CGCTGCCTGC AGCTNCCAAT 3840  
 CTGATTCTGC TTGGGAATGG GCGGANCACG NTGGGCTGCT TAACTGCTGT ATAGGACAAG 3900  
 CCCCTTACCC CTCTCTGGGC CCATGAATTC CTGGCTTGGT TTATGTTCTG ATTTGACACA 3960  
 CTGATTTTAA TCTTCGAATC ATGACACTGA GTGCAGAGGA GGTGGCATTG CGACAGCAGG 4020  
 55 ACATACATGT TNGGTGTGAA GACTGGGACG ACACCTGGTA GAATCTAGTT TTTAATTATT 4080  
 ATTAATATAA AGGATCAAAT TAATTTAAAT ATGAATCTGA AGTCCACAGA ACTTTNNNNN 4140  
 AAGTGCTGTC CAGGCCAACA CTTTGGTAAA ATGCAAATTA TGATATGGAC GTTATCATTT 4200  
 GTCTGGTGAG ATGTTTCATA TTTGTGACAG TTAATTTAAA AATTATGACT TAATGCTGCC 4260  
 TGTGTCTATG GGGTCTGTCT TTCTTTGATA GCCATCTATT CATCTGGATC ATGGGACCCT 4320  
 60 CTCTAATCCT TCCACCAATC AAATAAGCTA TTGCTATTGG TTTGGAGTTG AGATATCAGT 4380  
 CTCGGAAACT TCTGAAAAAT GCTAATAATT ACCCAAGGAT TATGTCAAAT TTTAAATAA 4440  
 ATGTGTGTGT GTTTCTTT



5 CCTAAGCATG AACAAAGTACA AAGTGTCTTA CAAGGGGGCCA GGACCAGGCA TCAAGTTCAG 840  
TGCAGAGGCC CTGCGCTGCC ACCTCCGGGA CCATGTGAAT GTATCCATGG TAGAGGTCAC 900  
AGATTTTCCC TTCAATACCT CTGAATGGGA GGGTTATCTG CCCAAGGAGA GCATTAGGAC 960  
CAAGGCTGGG CCTTGGGGCA GGTGTGCTGT TGTGTCGTCA GCGGGATCTC TGAAGTCTCT1020  
10 CCAACTAGGC AGAGAAATCG ATGATCATGA CGCAGTCTG AGGTTTAATG GGGCACCAC1080  
AGCCAACTTC CAACAAGATG TGGGCACAAA AACTACCATT CGCCTGATGA ACTCTCAGTT1140  
GGTTACCACA GAGAAGCGCT TCCTCAAAGA CAGTTTGTAC AATGAAGGAA TCCTAATTGT1200  
ATGGGACCCA TCTGTATACC ACTCAGATAT CCCAAAGTGG TACCAGAATC CGGATTATAA1260  
TTTCTTTAACT AACTACAAGA CTTATCGTAA GCTGCACCCC AATCAGCCCT TTTACATCCT1320  
15 CAAGCCCCAG ATGCCCTTGGG AGCTATGGGA CATTCTTCAA GAAATCTCCC CAGAAGAGAT1380  
TCAGCCAAAC CCCCCATCCT CTGGGATGCT TGGTATCATC ATCATGATGA CGCTGTGTGA1440  
CCAGGTGGAT ATTTATGAGT CCCTCCCATC CAAGCGCAAG ACTGACGTGT GCTACTACTA1500  
CCAGAAGTTC TTCGATAGTG CCTGCACGAT GGGTGCCTAC CACCCGCTGC TCTATGAGAA1560  
GAATTTGGTG AAGCATCTCA ACCAGGGCAG AGATGAGGAC ATCTACCTGC TTGGAAAAGC1620  
20 CACACTGCCT GGCTTCCGGA CCATTCACTG CTAAGCACAG GCTCCTCACT CTTCTCCATC1680  
AGGCATTAAA TGAATGGTCT CTTGGCCACC CCAGCCTGGG AAGAACATTT TCCTGAACAA1740  
TTCCAGCCTG CTCCTTTTAC TCTAGGGGCC TCTGTCAGCA AGACCATGGG GACTTCAAGA1800  
GCCTGTGGTC AGGAAATCAG GTCCAGCCTT CCCTGTAGCC AGACAGTTTA TGAGCCCAGA1860  
GCCTCCTGCC ACACACATGC ACACATATCT AGCATTCTTT CCAGACAGCA TCCTCCCCGC1920  
25 CTTCCACCTT GGTAGATGCA AGGTCTATCT CTCCCATCAG GGCTGCCAAA GCTGGGCTTT1980  
GTTTTTCCCA GCAGAATGAT GCCATTCTCA CAAACCAATG CTCTATATTG CTTNGAAGTC2040  
TGCATCTAAA TATTGATTTC ACGNTTTTAA ACGNAAATCT NNCTTAAAT ACAATTGTGC2100  
CCAATGCAGG GTGGNCTCTN NGGGGGGCAA GTAGGTGGTA CAGGGGATTG GAAACATCCT2160  
CCGCGCCTCC AGAGAAAAGT TGCTCCCGAG GTCCATGCCC CTGGAACGTG TTCCTATCAC2220  
30 TCTGGCTGGT TGGGCTGGTC CTTAGACTGG GTGCTTATGA TTAAGAGGT CTTGGTTAAG2280  
CCCCTTTTCC CTCTCCATGT GGAGATGGAA GGTAGAGAAG GATACAGTGT CTATCCTCAA2340  
GTTGCTACGG TTCAGTGAGA GAGGCAGACA TCTGAACAGG NCAGGTAGGA TTCAGTGTGC2400  
TCAGTGCCTT GGGGATTTGG AGAGAGATGG GCTTGCTCTC TCTGTGCACC CAGGAGGGCC2460  
ACGCACTTAA AACTGTGTTT GTGGATCAGA GAAGGCTTTA TAGCACAGGG GGCATTCAAG2520  
35 TGAGTCTTAG AGGAAGAGAA GAAACATGGC AAGCAGATTA CATCTGAGCC GTTTGAATTG2580  
TGTTTTTCTT TCTTCCCATG TTTATTTTCT AAGATCTACC TGAACCTAGN AGACTCAAGA2640  
TATTTTTTTA GGAAACCTCC TACCCATGTC TGAGGTAGCA AGTGCAGCCT CACGACAGAT2700  
ACCAGGCAAT CCAGAGCCAC AAAACGTGAT TCCTCCAGGC TCTGCCTGGC CTGACCCTGT2760  
40 CCTGTGAGCT GGGTTTACAT ACCAGTCCCA TTCTTCCTTT TCAATACCTA CCCCCAAATC2820  
TTCTCCTAAC CACCATCTGT TTTTTTTTGT TTTAAAGCATT TTTTGCTTTA AAAGCATCCT2880  
GACCCCAATT TCTTTGAGCT CACGGGCCCT TTGCTGAAGG TCTCTCAGGG TGTAGTGGT2940  
TGCTCTCTG GACTTAACGT CACTCTCAGN AGGTGAGAAC CTTNGGAGAT CAGAAGTGT3000  
TCTCACCAGG TGTGAGAGGT GTGGNTANGC AGATTGCAAT GCTCTGCACC TCTTNCCTTG3060  
45 CAAGTGAGNC AACTTNCAGG NCTCTCTGGG NCAGAGGCTG GCCCACTGTA GTTTGAGAC3120  
ATGCTCTCCA GATGGNTTTT ACTAAGTCCC CTCTCCCTGN ATANGGGAAT CCTGNCTGGN3180  
ACCAGCGCAN GCCCTNNGGT GTNGGANNGA GGTTNAAAAG ACTTGNCACA GGNATCACC3240  
AGTNCATGCT GNTAGANGCC AGGATTCCTA GACCCAGGGC TCTGCACTCT CAAGGCTGGC3300  
CCCATGTGCT CAAGGGGGTC TAATGTTTGG GCTCCAAACT AACCATCTCG GAGCTGGGCT3360  
50 CCTCATTTAC TGCCAAACCC TCAGNCTTAT GTAGCNTAGA AAGGGCCCTG GANGTGNAGA3420  
AAGCCTGGAT TTTCAAATTG ATGCTCCCTT ACTNGACTAG NCTGTGCCAC TCNTGGGCAA3480  
ATGCTCTTCC TTGAGCCTGT TTCCACACCT GTAAAGTGGG GATGATGATC CTATCTCACT3540  
GCTTTTNGTG NAGGATTACA GGNAAAAGCA CCTGCTCTGG CTCTGTACCT GGCACGTAGT3600  
ANGGTGCTCA GTTCATGCTG GTTTCTCTCC TGCCCTTAGT AGGGACCTGC TCTGTGCTCA3660  
55 CACCTCGGCT GCATGCACCC TGCTGTGACG GAGGCTAGTG TGGAAGAGGT CTTGCTCTCA3720  
GGGAATTAAC TGTCTTATTG GGAGACAACA ACTGTCTCTC TTGGAACACC CAAGAAACCA3780  
TGNCAAAGCA GTGGACAACA CAGAACACGN CCCTCCTCCT CGCTGCCTGC AGCTNCCAAT3840  
CTGATTCCTG TGGGAATGG GCGGANACAG NTGGGCTGCT TAACTGCTGT ATAGGACAAG3900  
CCCTTACCCT CTCTCTGGGC CCATGAATTC CTGGCTTGGT TTATGTTCTG ATTTGACACA3960  
60 CTGATTTTAA TCTTCGAATC ATGACACTGA GTGCAGAGGA GGTGGCATTG CGACAGCAGG4020  
ACATACATGT TNGGTGTGAA GACTGGGACG ACCTGGGTA GAATCTAGTT TTTAATTATT4080  
ATTAATATAA AGGATCAAAT TAATTTAAAT ATGAATCTGA AGTCCACAGA ACTTTNNNN4140  
AAGTGCTGTC CAGGCCAACA CTTTGGTAAA ATGCAAATTA TGATATGGAC GTTATATTG4200  
GTCTGGTGAG ATGTTTCATA TTTGTGACAG TTAATTTAAA AATTATGACT TAATGCTGCC4260  
TGTGTCTATG GGGTCTGTG TCCTTTGATA GCCATCTATT CATCTGGATC ATGGGACCCT4320  
65 CTCTAATCCT TCCACCAATC AAATAAGCTA TTGCTATTGG TTTGGAGTTG AGATATCAGT4380  
CTCGGAAACT TCTGAAAAAT GCTAATAATT ACCCAAGGAT TATGTCAAAT TTTAAATAA4440  
ATGTGTGTGT GTTTCTTT

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1562 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 615

25 TGGAGGCAGC TAGCGCGAGG GTGGGGAGCG CTGAGCCGCG CGTCGTGCCC TGCGCTGCCC 60  
AGACTAGCGA ACAATACAGT CAGGATGGCT AAAGGTGACC CCAAGAAACC AAAGGGCAAG 120  
ATGTCCGCTT ATGCCTTCTT TGTGCAGACA TGCAGAGAAG AACATAAGAA GAAAAACCCA 180  
GAGGTCCCTG TCAATTTTGC GGAATTTTCC AAGAAGTGCT CTGAGAGGTG GAAGACGATG 240  
TCCGGGAAAG AGAAATCTAA ATTTGATGAA ATGGCAAAGG CAGATAAAGT GCGCTATGAT 300  
30 CGGGAAATGA AGGATTATGG ACCAGCTAAG GGAGGCAAGA AGAAGAAGGA TCCTAATGCT 360  
CCCAAAGGC CACCGTCTGG ATTCTTCTCG TTCTGTTTCTAG AATTCCGCCC CAAGATCAAA 420  
TCCACAAACC CCGGCATCTC TATTGGAGAC GTGGCAAAAA AGCTGGGTGA GATGTGGAAT 480  
AACTTAAATG ACAGTGAAAA GCAGCCTTAC ATCACTAAGA CGGCAAAGCT GAAGGAGAAG 540  
TACGAGAAGG ATGTTGCTGA CTATAAGTCG AAAGGAAAGT TTGATGGTGC AAAGGGTCCT 600  
35 GCTAAAGTTG CCCGGAAAAA GGTGGAAGAG GAAGATGAAG AAGACGGGGG GGGGGGGGGG 660  
GGGGGGGGGG GGGGGACGTA TAGTCGGGCT GGCTGGTGGA GTAGCCCAAA AGAAGGGGAG 720  
CGCCGTAATT GACACATCTC TTATTTGAGA AGTGTCTGTT GCCCTCATTA GGTTTAATTA 780  
CAAAATTTGA TCACGATCAT ATTGTAGTCT CTCAAAGTGC TCTAGAAATT GTCAGTGTT 840  
TACATGAAGT GGCCATGGGT GTCTGGAGCA CCCTGAAACT GTATCAAAGT TGTACATATT 900  
40 TCCAAACATT TTTAAATGA AAAGGCACTC TCGTGTTCTC CTCACCTGTG GCACTTTGCT 960  
GTTGGTGTGA CAAGGCATTT AAAGATGTTT CTGGCATTTT CTTTTTATTT GTAAGGTGGT1020  
GGTAACTATG GTTATTGGCT AGAAATCCTG AGTTTTCAAC TGTATATATC TATAGTTTGT1080  
AAAAAGAACA AAACAACCGA GACAAACCTT TGATGCTCCT TGCTCGGCGT TGAGGCTGTG1140  
GGGAAGATGC CTTTTGGGAG AGGCTGTAGC TCAGGGCGTG CACTGTGAGG CTGGACCTGT1200  
45 TGACTCTGCA GGGGGCATCC ATTTAGCTTC AGGTTGTCTT GTTTCTGTAT ATAGTGACAT1260  
AGCATTCTGC TGCCATCTTA GCTGTGGACA AAGGGGGGTC AGCTGGCATG AGAATATTTT1320  
TTTTTTTAAAG TGCGGTAGTT TTTAACTGT TTGTTTTTAA ACAAACTATA GAACTCTTCA1380  
TTGTCAGCAA AGCAAAGAGT CACTGCATCA ATGAAAGTTC AAGAACCTCC TGTACTTAA1440  
CACGATTGCG AACGTTCTGT TATTTTTTTT GTATGTTTAG AATGCTGAAA TGTTTTTGAA1500  
50 GTTAAATAAA CAGTATTACA TTTTAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1560  
AA  
1562

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2278 Basenpaare

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1562 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 615

25 TGGAGGCAGC TAGCGCGAGG GTGGGGAGCG CTGAGCCGCG CGTCGTGCCC TCGCGTGCCC 60  
AGACTAGCGA ACAATACAGT CAGGATGGCT AAAGGTGACC CCAAGAAACC AAAGGGCAAG 120  
ATGTCCGCTT ATGCCTTCTT TGTGCAGACA TGCAGAGAAG AACATAAGAA GAAAAACCCA 180  
GAGGTCCCTG TCAATTTTGC GGAATTTTCC AAGAAGTGCT CTGAGAGGTG GAAGACGATG 240  
TCCGGGAAAG AGAATCTAA ATTTGATGAA ATGGCAAAGG CAGATAAAGT GCGCTATGAT 300  
30 CGGGAAATGA AGGATTATGG ACCAGCTAAG GGAGGCAAGA AGAAGAAGGA TCCTAATGCT 360  
CCCCAAAGGC CACCGTCTGG ATTCTTCTG TTCTGTTTCA AATTCCGCCC CAAGATCAAA 420  
TCCACAACC CCGGCATCTC TATTGGAGAC GTGGCAAAAA AGCTGGGTGA GATGTGGAAT 480  
AACTTAAATG ACAGTGAAAA GCAGCCTTAC ATCACTAAGA CGGCAAAGCT GAAGGAGAAG 540  
TACGAGAAGG ATGTTGCTGA CTATAAGTCG AAAGGAAAGT TTGATGGTGC AAAGGGTCCT 600  
35 GCTAAAGTTG CCCGGA AAAA GGTGGAAGAG GAAGATGAAG AAGACGGGGG GGGGGGGGGG 660  
GGGGGGGGGG GGGGGACGTA TAGTCGGGTC GGCTGGTGGA GTAGCCCAA AGAAGGGGAG 720  
CGCCGTAATT GACACATCTC TTATTTGAGA AGTGTCTGTT GCCCTCATTA GGTTAATTA 780  
CAAAATTTGA TCACGATCAT ATTGTAGTCT CTCAAAAGTGC TCTAGAAATT GTCAGTGGTT 840  
TACATGAAGT GGCCATGGGT GTCTGGAGCA CCCTGAAACT GTATCAAAGT TGTACATATT 900  
40 TCCAAACATT TTTAAATGA AAAGGCACTC TCGTGTCTC CTCCTCTGT GCACTTTGCT 960  
GTTGGTGTGA CAAGGCATT AAAGATGTT CTGGCATTCT CTTTTATTT GTAAGGTGGT1020  
GGTAACTATG GTTATTGGCT AGAAATCCTG AGTTTCAAC TGTATATATC TATAGTTTGT1080  
AAAAAGAACA AAACAACCGA GACAAACCTT TGATGCTCCT TGCTCGGCGT TGAGGCTGTG1140  
GGGAAGATGC CTTTTGGGAG AGGCTGTAGC TCAGGGCGTG CACTGTGAGG CTGGACCTGT1200  
45 TGA CTCTGCA GGGGGCATCC ATTTAGCTTC AGGTTGTCTT GTTCTGTAT ATAGTGACAT1260  
AGCATTCTGC TGCCATCTTA GCTGTGGACA AAGGGGGGTC AGCTGGCATG AGAATATTTT1320  
TTTTTTTAAAG TGCGGTAGTT TTTAACTGT TTGTTTTTAA ACAAACTATA GAACCTCTCA1380  
TTGTCAGCAA AGCAAAGAGT CACTGCATCA ATGAAAGTTC AAGAACCTCC TGTACTTAAA1440  
CACGATTCGC AACGTTCTGT TATTTTTTTT GTATGTTTAA AATGCTGAAA TGTTTTTGAA1500  
50 GTTAAATAAA CAGTATTACA TTTTAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1560  
AA  
1562

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

## 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2278 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 616

20 GGCAATTTCC GTTAGGTGCT GAAGGCTGTG GCGCGCGGCT GTCCCCATTC CCACGTGAAG 60  
CGCTACGCTA GCATCGCTCG GCTGGCGGGCT CCCAGCTCGC CGCGGAGCAG TCCCGGCAGC 120  
AGCGGGGGAC CGGAAGTGGC TCGCGGAGGC TCAGAAGCTA GTCCCGGAGC CCGGCGGTGTG 180  
GCGCCTCGGA GCACGGTGAC GCGCCATGT CCCTAATCTG CTCCATCTCT AACGAAATGC 240  
25 CGGAGCACCC ATGTGTATCC CCTGTCTCTA ATCATGTTTA TGAGCGGCGG CTCATCGAGA 300  
AGTACATTGC GGAGAATGGT ACCGACCCCA TCAACAACCA GCCTCTCTCC GAGGAGCAGC 360  
TCATCGACAT CAAAGTTGCT CACCCAATCC GGCCCAAGCC TCCCTCAGCC ACCAGCATCC 420  
CGGCCATTCT GAAAGCTTTG CAGGATGAGT GGGATGCAGT CATGCTGCAC AGCTTCACTC 480  
TGCGCCAGAG CTGCAGACAA CCCGCCAAGA GCTGTACAC GCTCTGTACC AGCAGCATGC 540  
30 CGCCTGCCGT GTCATTGCCC GTCTCACCAA GGAAGTCACT GCTGCCCGAG AAGCTCTGGC 600  
TACCCTGAAA CCACAGGCTG GCCTCATGT GCCCAGGCT GTGCCAAGTT CCCAACCAAG 660  
TGTTGTGGGT GCGGGTGAGC CAATGGATT GGGTGAGCTG GTGGGAATGA CCCAGAGAT 720  
TATTCAAGAG CTTCAAGACA AAGCCACTGT GCTAACCACG GAGCGCAAGA AGAGAGGAA 780  
GACTGTGCTT GAGGAGCTGG TGAAGCCAGA AGAGCTCAGC AAATACCGGC AGGTGGCATC 840  
35 CCACGTGGGG TTGCACAGTG CCAGCATTC TGGGATCCTG GCCCTGGACC TCTGCCCGTC 900  
CGACACCAAC AAGATCCTCA CTGGTGGGGC GGATAAAAAAT GTCGTTGTGT TTGACAAAAG 960  
TTCTGAACAA ATCCTGGCTA CCCTCAAAG CCATACCAAG AAGGTCACCA GCGTGGTGT 1020  
TCACCTTCC CAGGACCTGG TGTCTCTGCT TCCCCCGAT GCCACTATCA GGATTTGGTC 1080  
GGTCCCCAAT GCCTCTTGTG TACAGGTGGT TCGGGCCCAT GAGAGTGCTG TGACAGGCT 1140  
40 CAGCCTTCAT GCCACTGGCG ACTATCTCCT GAGCTCCTCC GATGATCAGT ACTGGGCTTT 1200  
CTCTGACATC CAGACAGGGC GTGTGCTCAC CAAGGTGACA GATGAGACCT CCGGCTGCTC 1260  
TCTCACCTGT GCACAGTTCC ACCCTGACGG ACTCATCTTT GGAACAGGAA CCATGGACTC 1320  
TCAGATCAAG ATCTGGGACT TGAAGGAACG TACTAATGTG GCCAACTTCC CTGGCCACTC 1380  
GGGCCCCATC ACTAGCATCG CCTTCTCTGA GAATGGTTAC TACCTGGCTA CAGCGGCTGA 1440  
45 TGACTCCTCT GTCAAGCTCT GGGATCTGCG CAAGTTAAGA ACTTTAAGAC TTTGCAGCTG 1500  
GATAACAAC TTAGGTTAAA GTCACTGATC TTTGACCAGA GTGGTACCTA CCTGGCTCTT 1560  
GGGGGCACGG ATGTCCAGAT CTACATCTGC AAACAATGGA CGGAGATTCT TCACTTTACA 1620  
GAGCATAGCG GCCTGACCAC AGGGGTGGCC TTCGGGCATC ACGCCAAGTT CATCGCTTCA 1680  
ACAGGCATGG ACAGAAGCCT CAAGTTCTAC AGCCTGTAGG CCCTGGCCCT TCTGATGGAA 1740  
50 GCTGGGCCTC ATCTCAGTAG AGGGGTAGAA TTAGGGTTTG GGGGGGGGTG GGGGGAATCT 1800  
ATGGGGGGAG GGGCTCTGT GGGGTGGGAC ATTCACATCA TTCACTCTG GTCTGAGTGG 1860  
TGGCTGAGA ACCATGGTGG CATGGACCAT CCTCATCCAT GCAACTCCAG GCCCCATGGG 1920  
AACGGATGTG GAAGGAAGAA CTGTACCCT CTTAAGGCC AGGGTCGGAG CCCAGGGCCT 1980  
CTCCCTTCTC GTCGTTCAAT GGACGTGGTG GTGGCTGTTC CACACCCATT TTGTTGACGT 2040  
55 TCCTGTGAGA CAGGAGAGGC TGAGCCAAG GAACTGTGAA GGGGATGGGC AGGAGGGCTT 2100  
GTGCAGGGTT TTGTAAGCAG TGATCTAGTT TCATTAATAA AAGAAAACAA TAACCATAAC 2160  
CACCTCCCCG TGTCTGTCTG CACCAGGAGC ACCTGGGACT GGGAAGTCAA GGGGAGGAG 2220  
CACACACTGG GACACTGGCT TCCGGGAAGC CCATCTTCCT TTCCTTTCAC AGCTCTTA 2278

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 616

20 GGCAATTTCC GTTAGGTGCT GAAGGCTGTG GCGCGCGGCT GTCCCCATTC CCACGTGAAG 60  
 CGCTACGCTA GCATCGCTCG GCTGGCGGCT CCCAGCTCGC CGCGGAGCAG TCCCGGCAGC 120  
 AGCGGGGGAC CGGAAGTGGC TCGCGGAGGC TCAGAAGCTA GTCCCGGAGC CCGGCGTGTG 180  
 GCGCCTCGGA GCACGGTGAC GCGGCCATGT CCCTAATCTG CTCCATCTCT AACGAAATGC 240  
 25 CGGAGCACCC ATGTGTATCC CCTGTCTCTA ATCATGTTTA TGAGCGGCGG CTCATCGAGA 300  
 AGTACATTGC GGAGAATGGT ACCGACCCCA TCAACAACCA GCCTCTCTCC GAGGAGCAGC 360  
 TCATCGACAT CAAAGTTGCT CACCCAATCC GGCCCAAGCC TCCCTCAGCC ACCAGCATCC 420  
 CGGCCATTCT GAAAGCTTTG CAGGATGAGT GGGATGCAGT CATGCTGCAC AGCTTCACTC 480  
 TGCGCCAGAG CTGCAGACAA CCCGCCAAGA GCTGTCACAC GCTCTGTACC AGCACGATGC 540  
 30 CGCCTGCCGT GTATTGCCG GTCTCACCAA GGAAGTCACT GCTGCCCGAG AAGCTCTGGC 600  
 TACCTGAAA CCACAGGCTG GCCTCATTGT GCCCAGGCT GTGCCAAGTT CCAACCAAG 660  
 TGTGTGGGT GCGGGTGAGC CAATGGATT TGGTGAGCTG GTGGGAATGA CCCCAGAGAT 720  
 TATTCAAGAG CTTCAAGACA AAGCCACTGT GCTAACCACG GAGCGCAAGA AGAGAGGGAA 780  
 GACTGTGCCT GAGGAGCTGG TGAAGCCAGA AGAGCTCAGC AAATACCGGC AGGTGGCATC 840  
 35 CCACGTGGGG TTGCACAGTG CCAGCATTC TGGGATCCTG GCCCTGGACC TCTGCCCGTC 900  
 CGACACCAAC AAGATCCTCA CTGGTGGGGC GGATAAAAAT GTCGTTGTGT TTGACAAAAG 960  
 TTCTGAACAA ATCCTGGCTA CCCTCAAAGG CCATACCAAG AAGGTCACCA GCGTGGTGT 1020  
 TCACCTTCC CAGGACCTGG TGTCTTCTGC TTCCCCGAT GCCACTATCA GGATTTGGTC 1080  
 GGTTCCCAAT GCCTCTTGTG TACAGGTGGT TCGGGCCCAT GAGAGTGTG TGACAGGCCT 1140  
 40 CAGCCTTCAT GCCACTGGCG ACTATCTCCT GAGCTCCTCC GATGATCAGT ACTGGGCTTT 1200  
 CTCTGACATC CAGACAGGGC GTGTGCTCAC CAAGGTGACA GATGAGACCT CCGGCTGCTC 1260  
 TCTCACCTGT GCACAGTTCC ACCGTGACGG ACTCATCTTT GGAACAGGAA CCATGGACTC 1320  
 TCAGATCAAG ATCTGGGACT TGAAGGAACG TACTAATGTG GCCAACTTCC CTGGCCACTC 1380  
 GGGCCCCATC ACTAGCATCG CCTTCTCTGA GAATGGTTAC TACCTGGCTA CAGCGGCTGA 1440  
 45 TGACTCCTCT GTCAAGCTCT GGGATCTGCG CAAGTTAAGA ACTTTAAGAC TTTGCAGCTG 1500  
 GATAACAAC TTAGGTAAA GTCACTGATC TTTGACCAGA GTGGTACCTA CCTGGCTCTT 1560  
 GGGGGCACGG ATGTCCAGAT CTACATCTGC AAACAATGGA CGGAGATTCT TCACTTTACA 1620  
 GAGCATAGCG GCCTGACCAC AGGGGTGGCC TTCGGGCATC ACGCCAAGTT CATCGCTTCA 1680  
 ACAGGCATGG ACAGAAGCCT CAAGTTCTAC AGCCTGTAGG CCCTGGCCCT TCTGATGGAA 1740  
 50 GCTGGGCCTC ATCTCAGTAG AGGGGTGAAA TTAGGGTTG GGGGGGGGTG GGGGGAATCT 1800  
 ATGGGGGGAG GGGGCTCTGT GGGGTGGGAC ATTACATCA TTTCACTCTG GTCTGAGTGG 1860  
 TGGCTGAGA ACCATGGTGG CATGGACCAC CCTCATCCAT GCAACTCCAG GCCCCATGGG 1920  
 AACGATGTG GAAGGAAGAA CTGTCACCTT CTTAAGGCC AGGGTCGGAG CCCAGGGCCT 1980  
 CTCCCTTCTT GTCGTTCAAT GGACGTGGTG GTGGCTGTTC CACACCCATT TTGTTGAGT 2040  
 55 TCCTGTGAGA CAGGAGAGGC TGAGCCAAGG GAACTGTGAA GGGGATGGGC AGGAGGGCTT 2100  
 GTGCAGGGTT TTGTAAGCAG TGATCTAGTT TCATTAAAA AAGAAAACAA TAACATAAAC 2160  
 CACCTCCCCG TGTCTGCTG CACCAGGAGC ACCTGGGACT GGGGAAGTCAA GGGGAGGGAG 2220  
 CACACACTGG GACACTGGCT TCCGGGAAGC CCATCTTCCT TTCCTTTCAC AGCTCTTA 2278

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 931 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 617

25 CAGGGGCGTG CAGCCCCTT GCCAATCAGA GCGCGGCTGA GCGGCCCCGC AGCCAACCCC 60  
CGAGGAGCGG CCGGCTGGCG TCCGCCGCGC CCAGGAGTTG GGGATGTCCT ACAAACCCAT120  
CGCCCCTGCT CCCAGCAGCA CCCCTGGCTC CAGCACCCCT GGGCCGGGCA CCCCGGTCCC180  
TACAGGAAGC GTCCCGTCGC CGTCGGGCTC AGTGCCAGGA GCCGCGCTC CTTTCAGACC240  
30 GCTGTTTAAAC GACTTTGGAC CGCTTCCAT GGGCTACGTG CAGGCGATGA AGCCACCCGG300  
CGCCCAGGGC TCCCAGAGCA CCTACACGGA CCGCTGTGTA GTCATAGAGG AGATGGGCAA360  
AGAGATCCGG CCTACCTATG CTGGCAGCAA GAGCGCCATG GAGCGCCTGA AGAGAGGTAT420  
CATCCATGCC CCGGCCCTAG TCAGAGAGTG CCTGGCAGAG ACAGAGCGGA ACGCCCGCAC480  
GTAACAGGAA GCGCCTCGGC CTCAGCGTCT GGACCTATCC GGCCACTGCA GAGCACCCGC540  
35 TTCTCCCTGG CCTTCATCCC GAGTTGCACT AACCATCCTG GGCTTCCTGT CCTGTGTCCC600  
TTGGTGGGTC CCCTCCAGGA ACCAAGGAGT GGCCCTCCAG GTGGCAGCAC TAAGGACACC660  
CCCCACAAC AAGAGTTAGC AGCGAGGTCC CCATGAGTCC CACCCATGAC CTGCCGACAG720  
TGTTGCCCCAC CGGAACTTT GTGGCCCTA CCGCTCAGCC CTCCCAGCA CTTCTCCAC780  
TTTGTCCCGA GCCTCCTTCT CGCCAGCAG GGGCACAGGC CTGGCACCTC CCTGCCTTGT840  
40 GTCCTGAGCC ATAGTGACTC TTTTATCTGT GTGTCTTTTG CTAAATATGC CCTTTTTATA900  
TTAATAAAAG ATGATTGGA GTTGTGCTCT C  
931

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 618

- 45 (A) LÄNGE: 447 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 931 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 617

25 CAGGGGCGTG CAGCCCGCTT GCCAATCAGA GCGCGGCTGA GCGGCCCGC AGCCAACCCC 60  
 CGAGGAGCGG CCGGCTGGCG TCCGCCGCGC CCAGGAGTTG GGGATGTCCT ACAAACCCAT120  
 CGCCCCTGCT CCCAGCAGCA CCCCTGGCTC CAGCACCCCT GGGCCGGGCA CCCCGTCCC180  
 TACAGGAAGC GTCCCGTCGC CGTCGGGCTC AGTGCCAGGA GCCGGCGCTC CTTTCAGACC240  
 30 GCTGTTTAAC GACTTTGGAC CGCCTTCCAT GGGCTACGTG CAGGCGATGA AGCCACCCGG300  
 CGCCCAGGGC TCCCAGAGCA CCTACACGGA CCTGCTGTCA GTCATAGAGG AGATGGGCAA360  
 AGAGATCCGG CCTACCTATG CTGGCAGCAA GAGCGCCATG GAGCGCCTGA AGAGAGGTAT420  
 CATCCATGCC CGGGCCCTAG TCAGAGAGTG CCTGGCAGAG ACAGAGCGGA ACGCCCGCAC480  
 GTAACAGGAA GCGCCTCGGC CTCAGCGTCT GGACCTATCC GGCCACTGCA GAGCACCCGC540  
 35 TTCTCCCTGG CCTTCATCCC GAGTTGCACT AACCATCCTG GGCTTCCTGT CCTGTGTCCC600  
 TTGGTGGGTC CCTTCCAGGA ACCAAGGAGT GGCCCTCCAG GTGGCAGCAC TAAGGACACC660  
 CCCCCACAAC AAGAGTTAGC AGCGAGGTCC CCATGAGTCC CACCCATGAC CTGCCGACAG720  
 TGTGCCCCAC CGGAACCTTT GTGGCCCTA CCGCTCAGCC CTTCCAGCA CTTCTCCCAC780  
 TTTGTCCCGA GCCTCCTTCT CGCCAGCAG GGGCAGAGC CTGGCACCTC CCTGCCTTGT840  
 40 GTCCGTGAGC ATAGTGACTC TTTTATCTGT GTGTCTTTT CTAAATATGC CCTTTTATA900  
 TTAATAAAG ATGATTGGA GTTGTGCTCT C 931

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 618

- 45 (A) LÄNGE: 447 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

ELPSSPPPGL PEVAPDATST GLPDTAAPE TSTNYPVECT EGSAGPQSLP LPILEPVKNP 60  
 CSVKDQTPLQ LSVEDTTSPN TKPCPTPTT PETWGGGGGG APSSTPCSAH LTPSSLFPSS120  
 LESSSEQKFY NFVILHARAD EHIALRVREK LEALGVDPGA TFCEDFQVPG RGELSCLQDA180  
 10 IDHSAFIILL LTSNFDCLRS LHQVNQAMMS NLTRQGSPDC VIPFLPLESS PAQLSSDTAS240  
 LLSGLVRLDE HSQIFARKVA NTFKPHRLQA RKAMWRKEQD TRALREQSQH LDGERMQAAA300  
 LNAAYSAYLQ SYLSYQAQME QLQVAFGSHM SFGTGAPYGV RMPFGGQGPL GAPPPFPTWP360  
 GCPQPPPLHA WQAGTPPPPS PQPAAFPQSL PFPQSPAFPT ASPAPPQSPG LQPLIIHHAQ420  
 MVQLGLNNHM WNQRGSQAPE DKTQEAE 447

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 619

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

ADAGGGTERS LLSLPPELLV LPGTDGAAPG GFWEPHVIWD WGALWGQNAL WPGGAPGSPA 60  
 TLSHLAGVPA AATPARMAGW HPPTALPTAS SLSTVTALPA VPSLPYGLTR TPSEPRAATP120  
 35 HYPRTDGTGTA GAEQPHVEPE RVPARGQDA GGRMTACPCL TTWGTPLDPG IGQDPIEHGP180  
 LPCALWTVED EVICHFQDIV REPFI 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 620

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

ELPSSPPFGL PEVAPDATST GLPDTAAPE TSTNYPVECT EGSAGPQSLP LPILEPVKNP 60  
CSVKDQTPLO LSVEDTTSPN TKPCPPTPTT PETWGGGGGG APSSTPCSAH LTPSSLPSS120  
LESSEQKFY NFVILHARAD EHIALRVREK LEALGVDPGA TFCEDFQVPG RGELSCLQDA180  
10 IDHSAFIILL LTSNFDCLRS LHQVNQAMMS NLTRQGSFDC VIPFLPLESS PAQLSSDTAS240  
LLSGLVRLDE HSQIFARKVA NTFKPHRLQA RKAMWRKEQD TRALREQSQH LDGERMQAAA300  
LNAAYSAYLQ SYLSYQAQME QLQVAFGSHM SFGTGAPYGV RMPFGGQGPL GAPPPFPTWP360  
GCPQPPPLHA WQAGTPPPPS PQPAAFPQSL PFPQSPAFPT ASPAPPQSPG LQPLIIHHAQ420  
15 MVQLGLNNHM WNQRGSQAPE DKTQEAE 447

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 619

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

ADAGGGTERS LLSLPPELLV LPGTDGAAPG GFWEPHVIWD WGALWQNAL WGPAGPSPA 60  
TLSHLAGVPA AATPARMAGW HPPTALPTAS SLSTVTALPA VPSLPYGLTR TPSEPRAATP120  
35 HYPPRTDGTGAEQPHVEPE RVPGARGQDA GGRMTACPL TTWGTPLDPG IGQDPIEHFG180  
LPCALWTVED EVICHFQDIV REPFI 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 620

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren  
40 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

KSRLSVTLMP VQLSEHPewn ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFEFG 60  
 AAILWLLCSH RPAPGRPPH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTAG IRYRIAVIAD120  
 5 LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEGK RGMELSDLIV180  
 FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGLGKE240  
 WTTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300  
 QRWFFLPRA SQERYSEKDD ERKGANLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360  
 TDDQIIIVALK SEEDSGRVAS YIMAFITLDR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 621

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQOEAPVQRE GHDVGGDSAA VLLGFEGHND 60  
 LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVVLLAV ALLAGAARQE120  
 30 EPALQRVTPA GRIMDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180  
 SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHFG HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240  
 FPIENNQVG 249

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 622

35

(A) LÄNGE: 255 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

5 KSRLSVTLMP VQLSEHPewn ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFEFG 60  
AAILWLLCSH RPAPGRPPH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPQRTAG IRYRIAVIAD120  
LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEKG RGMELSDLIV180  
FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGGLGKE240  
WTTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300  
QRWFFLPRA SQERYSEKDD ERKGANLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360  
10 TDDQIIIVALK SEEDSGRVS YIMAFDLDGR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 621

- 15 (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

30 KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQOEAPVQRE GHDVGGDSAA VLLGFEGHND 60  
LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVVLLAV ALLAGAAARQE120  
EPALQRVTPA GRMLDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180  
SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHGP HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240  
FPIENNQVG 249

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 622

- 35 (A) LÄNGE: 255 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

50 AAAPVSLHDA AGDLRRDPGG GGGGGVPHGG GEGQEVVPAE PGVPAPQHA E PVAAGAAQQ 60  
LQTEEQGLQ RLRLGPVRGA ARGGDARVRG PRGDRRVNPE SARALLPGDP QGPGTAAPRA120  
LGLPPRCEPV GAPLAALALA RERRERGRFP RPKCLFFNS SQCELCCECV RGGAPALSRR180

RVATPCPCPM VCNSDFAHRS TVPPSAHPFT LTPTLSLNTF IIVRRGRWDF GRSAAATASG240  
GLIFIFALRW LKAFI 255

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 623

- 5 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

20

INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGSPGS RARALSGFTR RSPRGPRTRA SPPRAAPLTG180  
PSRSRWSPGC SSVCS 196

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 624

- (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

45 VESHRRANTH TTVRSPETAR GWKPWPHRLS RYVHSPGRQP HGHGQHLFCF SGRRAFGGHP 60  
RQGARASLLA LGLENSPGGS SPEERLGRLA VAGPPRGAQN VSQAGPEAEA PPLRFGHAWG120  
AQTPTLGAPG PWTPLPTLPS HIPPFWSQTP AQRKEGFTEE GQGRAWPQGG DEDISGPGSC180  
RLLWEEPCV CKLLGLAARP TAGPSLDPCT WPSSCPLAAP GLGTGIEPRG LGWLQGRDR240  
EG 242

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 625

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren

RVATPCPCPM VCNDFAHRS TVPPSAHPFT LTPTLSLNTF IIVRRGRWDF GRSAAATASG240  
GLIFIFALRW LKAFT 255

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 623

- 5 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGSPGS RARALSGFTR RSPRGPRTRA SPPRAAPLTG180  
PSRSRWSPGC SSVCS 196

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 624

- (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

45 VESHRAHTH TTVRSPETAR GWKPWPHRLS RYVHSPGRQP HGHGQHLFCF SGRRAFGGHP 60  
RQGARASLLA LGLENSPGGS SPEERLGRLA VAGPPRGAQN VSQAGPEAEA PPLRFGHAWG120  
AQTPRLGAPG PWTPLPLPS HIPFFWSQTP AQRKEGFTEE GQGRAWPQGG DEDISGPGSC180  
RLLWEEPCV CKLLGLAARP TAGPSLDPCT WPSSCPLAAP GLGTGIEPRG LGWLQGGRDR240  
EG 242

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 625

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

15 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRKARA EPGPREGMRT 60  
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120  
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180  
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 626

- (A) LÄNGE: 299 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 626:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60  
KKRSNTENLS QHFRKGTTLV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120  
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRHE180  
40 VEKSEISENT DASGKIEKYN VPLNRLKMMF EKGEPTQTKI LRAQSRASG RKISENSYSL240  
DDLEIGPGQL SSSTFDSEKN ESRRNLELPR LSETSIKDRM AKYQAAVSKQ SSSPTIPMS 299

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 627

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

15 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRQKARA EPGPREGMRT 60  
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120  
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180  
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 626

20 (A) LÄNGE: 299 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 626:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60  
KKRSNTENLS QHFRKGTTLV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120  
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRHE180  
40 VEKSEISENT DASGKIEKYN VPLNRLKMMF EKGEPTQTKI LRAQSRASG RKISENSYSL240  
DDLEIGPGQL SSSTFDSEKN ESRRNLELPR LSETSIKDRM AKYQAAVSKQ SSSPTIPMS 299

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 627

45 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 627:

DSAPSPGFSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60  
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSILSTDT EIPG 94

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 628

(A) LÄNGE: 765 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 628:

IRPVVQLTAI EILAWGLRNM KNFQMASITS PSLVVECGGE RVESVVIKNL KKTPNFPSSV 60  
LFMKVFLPKE ELYMPPLVIK VIDHRQFGRK PVVGQCTIER LDRFRCDPYA GKEDIVPQLK120  
30 ASLLSAPPCR DIVIEMEDTK PLLASKLTEK EEEIVDWWSK FDASSGEHEK CGQYIQKGS180  
KLKIYNCELE NVAEFEGLTD FSDTFKLYRG KSDENEDPSV VGEFKGSFRI YPLPDDPSVP240  
APPRQFRELP DSVPQECTVR IYIVRGLELQ PQDNNGLCDP YIKITLGKKV IEDRDHYIPN300  
TLNPVFGRMY ELSCYLPQEK DLKISVYDYD TFTRDEKVG E TIIDLENRFL SRFGSHCGIP360  
EEYCVSGVNT WRDQLRPTQL LQNVAREFKGF PQPILSEDGS RIRYGGRDYS LDEFANKIL420  
35 HQHLGAPEER LALHILRTQG LVPEHVETRT LHSTFQPNIS QGKLQMWVDV FPKSLGPPGP480  
PFNITPRKAK KYLRVVIWN TKDVILDEKS ITGEEMSDIY VKGWIPGNEE NKQKTDVHYR540  
SLDGEGNFW RFVFPFDYLP AEQLCIVAKK EHFWSIDQTE FRIPPRLIQ IWDNDKFSLD600  
DYLGFLELDL RHTIIPAKSP EKCRDMIPD LKAMNPLKAK TASLFEQKSM KGWWPCYAEK660  
40 DGARVMAGKV EMTLEILNEK EADERPAGKG RDEPNMNPKL DLPNRPETSF LWFTNPCKTM720  
KFIVWRRFKW VIIGLLFLLI LLLFVAVLLY SLPNYLSMKI VKPNV 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 629

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 627:

DSAPSPGFSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60  
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSLSTDT EIPG 94

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 628

(A) LÄNGE: 765 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 628:

IRPVVQLTAI EILAWGLRNM KNFQMASITS PSLVVECGGE RVESVVIKNL KKTPNFPSSV 60  
LFMKVFLPKE ELYMPPLVIK VIDHRQFGRK PVVGQCTIER LDRFRCDPYA GKEDIVPQLK120  
30 ASLLSAPPCR DIVIEMEDTK PLLASKLTEK EEEIVDWWSK FDASSGEHEK CGQYIQKGYS180  
KLKIYNCELE NVAEFEGLTD FSDTFKLYRG KSDENEDPSV VGEFKGSFRI YPLPDDPSVP240  
APPRQFRELP DSVPOECTVR IYIVRGLELQ PQDNNGLCDP YIKITLGKKV IEDRDHYIPN300  
TLNPVFGRMY ELSCYLPQEK DLKISVYDYG TFTRDEKVG E TIIDLENRFL SRFGSHCGIP360  
EEYCVSGVNT WRDQLRPTQL LQNVARFKGF PQPILSEDGS RIRYGGRDYS LDEFANKIL420  
35 HQHLGAPEER LALHILRTQG LVPEHVETRT LHSTFQPNIS QGKLQMWVDV FPKSLGPPGP480  
PFNITPRKAK KYYL RVIIWN TKDVILDEKS ITGEEMSDIY VKGWIPGNEE NKQKTDVHYR540  
SLDGEENFNW RFVFPFDYLP AEQLCIVAKK EHFWSIDQTE FRIPPRLIQ IWDNDKFSLD600  
DYLGFLELDL RHTIIPAKSP EKCRLDMIPD LKAMNPLKAK TASLFEQKSM KGWWPCYAEK660  
40 DGARVMAGKV EMTLEILNEK EADERPAGKG RDEPNMNPCL DLPNRPETSF LWFTNPCKTM720  
KFIVWRRFKW VIIGLLFLLI LLLFVAVLLY SLPNYLSMKI VKPNV 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 629

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 629:

5 ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60  
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFGPG120  
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180  
10 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240  
NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 630

(A) LÄNGE: 824 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

30 RVSVLAAASS ALPVAPREAG VTNWPAGCVP EVRSTGEKEV AKTLHRRSRP EWCGARDPPA 60  
MLLFVLTCLL AVFPAISTKS PIFGPPEEVNS VEGNSVSITC YYPPTSVNRH TRKYWCRQGA120  
RGGCITLISS EGYVSSKYAG RANLTNFPEN GTFVVNIAQL SQDDSGRYKC GLGINSRGLS180  
FDVSLEVSQG PGLLNDTKVY TVDLGRTVTI NCPFKTENAQ KRKSLYKQIG LYPVLVIDSS240  
GYVNPNTYGR IRLDIQGTGQ RLFSVVINQL RLSDAGQYLC QAGDSDNSNK KNADLQVLKP300  
EPELVYEDLR GSVTFHCALG PEVANVAKEL CRQSSGENCD VVVNTLGKRA PAFEGRILLN360  
35 PQDKDGSFSV VITGLRKEDA GRYLCGAHSD GQLQEGSPIQ AWQLFVNEES TIPRSPTVVK420  
GVAGGSVAVL CPYNRKESKS IKYWCLWEGA QNGRCPLLVD SEGWVKAQYE GRSLSLEEPG480  
NGTFTVILNQ LTRDAGFYW CLTNGDTLWR TTVEIKIIEG EPNLKVPGNV TAVLGETLKV540  
PCHFPCKFSS YEKYWCKWNN TGCQALPSQD EGPSKAFVNC DENSRLVSLT LNLVTRADEG600  
WYWCGVKQGH FYGETAAVYV AVEERKAAGS RDVSLAKADA APDEKVLDSG FREIENKAIQ660  
40 DPRLFAEKA VADTRDQADG SRASVDSGSS EEQGGSSRAL VSTLVPLGLV LAVGAVAVGV720  
ARARHRKNVD RVSIRSRTD ISMSDFENSR EFGANDNMGA SSITQETSLG GKEEFVATTE780  
STTETKEPKK AKRSSKEEAE MAYKDFLLQS STVAAEAQDG PQEA 824

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 631

45 (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 629:

5

ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60  
FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFP120  
CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180  
PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240  
10 NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 630

(A) LÄNGE: 824 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

RVSVLAAASS ALPVAPREAG VTNWPAGCVP EVRSTGEKEV AKTLHRRSRP EWCGARDPPA 60  
30 MLLFVLTCLL AVFPAISTKS PIFGPPEEVNS VEGNSVSITC YYPPTSVNRH TRKYWCRQGA120  
RGGCITLISS EGYVSSKYAG RANLTNFPEN GTFVVNIAQL SQDDSGRYKC GLGINSRGLS180  
FDVSLEVSQG PGLLNDTKVY TVDLGRTVTI NCPFKTENAQ KRKSLYKQIG LYPVLVIDSS240  
GYVNPNTGR IRLDIQGTGQ RLFSVVINQL RLSDAGQYLC QAGDSDNSNK KNADLQVLKP300  
EPELVYEDLR GSVTFHCALG PEVANVAKFL CRQSSGENCD VVVNTLGKRA PAFEGRILLN360  
35 PQDKDGSFSV VITGLRKEDA GRYLCGAHSD GQLQEGSPIQ AWQLFVNEES TIPRSPTVVK420  
GVAGGSVAVL CPYNRKESKS IKYWCLWEGA QNGRCPLLVD SEGWVKAQYE GRSLSLLEPG480  
NGTFTVILNQ LTRDAGFYW CLTNGDTLWR TTVEIKIIEG EPNLKVPGNV TAVLGETLKV540  
PCHFPCKESS YEKYWCKWNN TGCQALPSQD EGPSKAFVNC DENSRLVSLT LNLVTRADEG600  
WYWCQVKQGH FYGETAAVYV AVEERKAAGS RDVSLAKADA APDEKVLDSG FREIENKAIQ660  
40 DPRLFAEKA VADTRDQADG SRASVDSGSS EEQGGSSRAL VSTLVPLGLV LAVGAVAVGV720  
ARARHRKNVD RVSIRSYRTD ISMSDFENSR EFGANDNMGA SSITQETSLG GKEEFVATTE780  
STTETKEPKK AKRSSKEEAE MAYKDFFLQS STVAAEAQDG PQEA 824

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 631

45

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

ADIAGPRCLP LFNCHIDGCS LSIEVALLHS TPVPALISPG HQVQGQGDGP AVLVTVHEGL 60  
AGAFVLAGQG LAARVIPLAP VFLVRGEFAW KVTGDLESLS QHSRDIPWYL EVWFSEFDNLD120  
10 LHGGPPESIA VGQTPVEAGV PAGELVEDDS EGAVAWLLQQ GEAALVLGLN PPLAVHQQGA180  
AAILGPFPEP PVLDAFAFLT VVGAEHGHRA SCHPLHHSAG AGNRGLLIDE ELPGLDRRAF240  
LQLTIRMGST QVAPCILLPQ ACDHHTTE 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 632

15 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60  
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120  
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 633

35

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

10 ADIAGPRCLP LFNCHIDGCS LSIEVALLHS TPVPALISPG HQVQGQDKP AVLTVVHEGL 60  
AGAFVLAGQG LAARVIPLAP VFLVRGEFAW KVTGDLESLS QHSRDIPWYL EVWFSFDNLD120  
LHGGPPESIA VGQTPVEAGV PAGELVEDDS EGAVAWLLQQ GEALVLGLN PPLAVHQQA180  
AAILGPFPEP PVLDAFAFLT VVGAEHGHRA SCHPLHHSAG AGNRGLLIDE ELPGLDRRAF240  
LQLTIRMGST QVAPCILLPQ ACDHHTTE 267

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 632

15 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

30 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60  
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120  
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 633

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60

SPSSKTQGSP PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120  
DLFSGCK 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 634

- 5 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

20

HHQKHMQGKG SYWASGLLSP WLGRKGREDG WGSJFGIDDV HEFGLEGSTT HKEAIIHRLA 60  
GQLLAGCP SH RASINDTGAL SHRIRDVGLQ PSSELLVYFL GLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ120  
DDLAPVLHVI CDDLLVWWE G 140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 635

25

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

KVIADNVKDW SKVVLAYEPV WAIGTGKTAT PQQAQEVHEK LRGWLKSNVS DAVAQSTRII 60  
YGGSVTGATC KELASQPDVD GFLVGGASLK PEFVDIINAK Q 101

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 636

45

- (A) LÄNGE: 329 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

SPSSKTQGSP PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120  
DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 634

- 5 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

HHQKHMQGKG SYWASGLLSP WLGRKGREDG WGS LFGID DV HEFGLEGSTT HKEAIHIRLA 60  
GQLLAGCP SH RASINDTGAL SHRIRDVGLQ PSSELLVYFL GLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ120  
DDLAPVLHVI CDDLLVWWE G 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 635

- 25 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

KVIADNVKDW SKVVLAYEPV WAIGTGKTAT PQQAQEVHEK LRGWLKSNVS DAVAQSTRII 60  
YGGSVTGATC KELASQPDVD GFLVGGASLK PEFVDIINAK Q 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 636

- 45 (A) LÄNGE: 329 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 636:

DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVVWGEA EGKAALRLGV EFLEVWGGGR 60  
VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNVGG SGGRSVAVAL VHQHGVRLLG DLQQRVHVGA120  
APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGLE HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180  
15 VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALLOQVPR LLQVFLGLEA RLLQVLAGTH240  
LGLLHLLLGE GLEVVHAPQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SDESSSAAA SSSGRSPSPS300  
SSPSFSGSAS DSFSDLMLLS LAGSFTSSW 329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 637

20

(A) LÄNGE: 362 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 637:

35

GRLPGYPD RR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60  
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVS VN VKTVRGSLER120  
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEHEELGE180  
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSRRR WRRPRCVPAR240  
40 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 638

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 636:

DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVVWGEA EGKAALRLGV EFLEVWGGGR 60  
VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNVGG SGRSVAVAL VHQHGVRLG DLQQRVHGA120  
APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGLE HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180  
15 VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALQGVPR LLQVFLGLEA RLLQVLAGTH240  
LGLLHLLLGE GLEVVHAPQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SDESSSAAA SSSGRSPSPS300  
SSPSFSGSAS DSFSDLMLS LAGSFTSSW 329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 637

20

(A) LÄNGE: 362 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 637:

35

GRLPGYPD RR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60  
TQAQLEERQA EMGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVS VN VKTVRGSLER120  
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180  
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240  
40 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 638

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 638:

SGDLRLLVDT SKVQEAHVPS QDTHHTQELL AVQGSLSVGY RGGGFGAAP VHEDPHLLGP 60  
ASRGAPETAA FFFFFFFF EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ 120  
LLAGTNKPFH LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLXTPQQLXG PRXXFPXAVQ 180  
10 ASPXPGVCSL AWVELCHIXD KQXGG 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 639

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 639:

PVTPRDXPGA GGSXEGPMQ HPGQSRPXPL AXPAPXWLM APCGALTCWA RLXLGLSAPX 60  
30 LLIXDVTELD PSQAAHSWTW ASLHCXGKXX PRAXKLLRGX EAGAHPQASV FSAPPCPRFR120  
ASVHREHHHH QVEGFISPC QQLSSLVQVA WPAHWIGDGP GWARSGAQSG R 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 640

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 640:

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 638:

SGDLRLLVDT SKVQEAUVPS QDTHHTQELL AVQGSLSVGY RPPGGFGAAP VHEDPHLLGP 60  
 ASRGAPETAA FFFFFFFF EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ 120  
 LLAGTNKPFH LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLXTPQQLXG PRXXFPXAVQ 180  
 10 ASPXPGVCSL AWVELCHIXD KQXGG 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 639

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 639:

PVTPRDXPGA GGGXEGPMQ HPGQSRPXPL AXPAPXWXL APCGALTCWA RLXLGLSAPX 60  
 30 LLIXDVTELD PSQAAHSWTW ASLHCXGKXX PRXKLLRGX EAGAHPQASV FSAPPCPRFR120  
 ASVHREHHHH QVEGFISPC QQLSSLVQVA WPAHWIGDGP GWARSGAQSG R 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 640

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 640:

ISRNEGVLR GPSPRSLLR SHSEPPALVL WRDHLVPGT DYCKDTALVP TEKNTGQGEH 60  
 50 TFSQYLATPH SELTITHGKW VHSSLWSDPA GLGRQEQHSS SSLSPRQRES LNCKRSGAYT120  
 VREKEKGGRK GFSRPPRDA HREGGKEREK SVLESEATLS K 161

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 641

- 5 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 641:

20 CAYRTEKWKS HTVPCSPVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60  
RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120  
HHCIPNR 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 642

- 25 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 642:

40 WGXGRVRVXG WXRKPMKXGI PPXHGPIA DGHRLXXLP PXGXRCXXAD PKGXGLXALF 60  
KXKPPXEXCL LSXXPXPVT HRAGMEFNGX FWXRTLVBHQ TSLXGYXTR LKXKIVCCHS120  
SGXWSVCGH RFHRNQ 136

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 643

- 45 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 641

- 5 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 641:

20 CAYRTEKWKS HTPVCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60  
RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120  
HHCIPNR 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 642

- 25 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 642:

40 WGXGRVRVXG WXRKPMKXGI PPEXHGPIA DGHRLXXLP PXGXRCXXAD PKGXGLXALF 60  
XKXPPXEXCL LSXXPPXPVT HRAGMEFNGX FWXXTLVHGQ TSLLXGYXTR LKXKIVCCHS120  
SGXWSVCG LH RFHRNQ 136

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 643

- 45 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 643:

GRXSRAWGLG CPSLLSPISL RLPVPPRPP NLRPPATPGA PTXPKQNTAX LKXLLLELSXX 60  
LSGLGLMGXR AGTCTWVAXE AHEDXDTPRV PWTXYXRWSS XPXAIATXGX SLXXGRPQRE120  
XPXRVVXKXT TX 132

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 644

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 644:

GVETTANSST SLRSTTLEKE VPVIFIHPLN TGLFRIKIQG ATGKFNMVIP LVDGMIVSRR 60  
ALGFLVRQTV INICRRKRLE SDSYSPMSA GNRKSPTLST STGTSSWSQS FILHFSRRLD120  
SRTAVLRPLN F 131

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 645

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 645:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 643:

GRXSRAWGLG CPSLLSPISL RLPVPPRPP NLRPPATPGA PTXPXQNTAX LKXLLLELSXX 60  
LSGLGLMGXR AGTCTWVAXE AHEDXDTPRV PWTXYXRWSS XPXAIATXGX SLXXGRPQRE120  
XPXRVVXKXT TX 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 644

15 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 644:

GVETTANSST SLRSTTLEKE VPVIFIHPLN TGLFRIKIQG ATGKFNMVIP LVDGMIVSRR 60  
ALGFLVRQTV INICRRKRLE SDSYSPMSA GNRKSPTLST STGTSSWSQS FILHFSRRLD120  
SRTAVLRPLN F 131

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 645

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 645:

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLP RCYFSAGIKL LXVARPRTSK60  
DSCYSATVYT AHLSSHVLS SLVRLF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 646

5

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 646:

KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60  
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYIQ LRPGEH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 647

25

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 647:

SSACRCTTRS TGQQAASGR CGGPRGWGPS TGATPRLTM NIPFQSIHFI TYEFLQEQVN60  
PHRTYNPQSH IISGGLAGAL AAAARGPLDV LR 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 648

45

- (A) LÄNGE: 280 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50



LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLLP RCYFSAGIKL LXVARPRTSK60  
DSCYSATVYT AHLSSHVLS SLVRLF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 646

5

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 646:

KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60  
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYQ LRPGEH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 647

25

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 647:

SSACRCTTRS TGQQAASGR CGGPRGWGPS TGATPRQLTM NIPFQSIHFI TYEFLQEQVN60  
PHRTYNPQSH IISGGLAGAL AAAARGPLDV LR 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 648

45

- (A) LÄNGE: 280 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 648:

AVGSAALFKD GGGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120  
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180  
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240  
QVEYMDRGE GTTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPHYDILYK 280

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 649

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 649:

35 DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60  
ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV120  
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL180  
ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS240  
40 ILLV 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 650

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 648:

AVGSAALFKD GGGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120  
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180  
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240  
QVEYMDRGE GGTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPHYDILYK 280

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 649

20

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 649:

35 DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60  
ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV120  
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQVQVDRGL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL180  
ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS240  
40 ILLV 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 650

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 650:

5

10

LTTTCVSSSA PSKTS LIMNP HASTNGQLSV HTPKRESLSH EEHPHSHPLY GHGVCKWPGC 60  
EAVCEDFQSF LKHLNSEHAL DDRSTAQCRV QMQVVQLEL QLAKDKERLQ AMMTHLHVKS120  
TEPKAAPQPL NLVSSVTLSK SASEASPQSL PHTPTTPTAP LTPVTQGPSV ITTSMHTVG180  
PIRRRYSDKY NVPISADIA QNQEFYKNAE VRPPFTYASL IRQAILESPE KQLTLNEIYN240  
WETRMFAYFR RNAATWKNAV RHNLSLHKCF VRVENVKGAV WTVDEVEFQK RRPQKISGNP300  
SLIKNMQSSH AYCTPLNAAL QASMAENSIP LYTTASMGNP TLGNLASAIR EELNGAMEHT360  
NSNESDSSPG RSPMQAVHPV HVKEEPLDPE EAEGPLSLVT TANHSPDFDH DRDYEDEPN420  
EDME 424

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 651

15

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 651:

STNAGCTAVR ATACKRQRAP ASHDDPPACE VYRTQSRPSA LESGIKCHSL QVRIGGFSTE 60  
LTSYSNDPNR PPDSRHRPL CHNHQHANG GTHPQAVLRQ IQRAHFVSRY CAEPRIL 117

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 652

35

- (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 650:

5 LTTTCVSSSA PSKTS LIMNP HASTNGQLSV HTPKRESLSH EEHPHSHPLY GHGVCKWPGC 60  
EAVCEDFQSF LKHLNSEHAL DDRSTAQCRV QMQVVQQLL QLAKDKERLQ AMMTHLHVKS120  
TEPKAAPQPL NLVSSVTLSK SASEASQSL PHTPTTPTAP LTPVTQGPSV ITTSMHTVG180  
PIRRRYSKY NVPISADIA QNQEFYKNAE VRPPFTYASL IRQAILESPE KQLTLNEIYN240  
10 WETRMFAYFR RNAATWKNV RHNLSLHKCF VRVENVKGAV WTVDEVEFQK RRPQKISGNP300  
SLIKNMQSSH AYCTPLNAAL QASMAENSIP LYTTASMGNP TLGNLASAIR EELNGAMEHT360  
NSNESOSSPG RSPMQAVHPV HVKEEPLDPE EAEGPLSLVT TANHSPDFDH DRDYEDPVN420  
EDME 424

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 651

15 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 651:

STNAGCTAVR ATACKRQRAP ASHDDPPACE VYRTQSRPSA LESGIKCHSL QVRIGGFSTE 60  
LTSYSNDPNR PPDSRHRPL CHHNHQHAG GTHPQAVLRQ IQRAHFVSRY CAEPRIIL 117

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 652

35 (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 652:

PEAGLFSCSE QSDFPEHIFI MIHTNLKKKF SCCVLVLLF AVICVWKEKK KGSYYDSFKL 60

5 QTKEFQVLKS LGKLAGSDS QSVSSSTQD PHRGRQTLGS LRGLAKAKPE ASFQVWNKDS120  
SSKNLIPLRLQ KIWKNYLSMN KYKVS YKGGP PGIKFSAEAL RCHLRDHVNV SMVEVTDFPF180  
NTSEWEGYLP KESIRTKAGP WGRCAVVSSA GSLKSSQLGR EIDDHDAVLR FNGAPTANFQ240  
QDVGTKTIR LMNSQLVTTE KRFLKDSLYN EGILIVWDPS VYHSDIPKWY QNPDYNFFNN300  
YKTYRKLHPN QPFYILKPQM PWELWDILQE ISPEEIQPNP PSSGMLGIII MMTLCDQVDI360  
YESLPSKRKT DVCYYQKFF DSACTMGAYH PLYEKNLVK HLNQGTDEDI YLLGKATLPG420  
FRTIHC 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 653

- 10 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 653:

RCVQGSHEVL SRKTSLLLAN PPGAAGPSGP QELALLSMGG KVIWVCRPRP IFLRMIKTHL 60  
CWFMVTCAAG FGDAEVCRSI SGGLDAVLPF SLWCWLCGLC GTFCPLARCT LGRGGCGCSA120  
RSVAAARSAP TPGIGSLC 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 654

- 30 (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 654:

50 WRQLARGWGA LSRASCPALP RLANNTVRMA KGDPPKPKGK MSAYAFFVQT CREEHKKKNP 60  
EVPVNFAEFS KKCSEWRKTM SGKEKSKFDE MAKADKVRYD REMKDYGPAK GGKKKKDPNA120  
PKRPPSGFFL FCSEFRPKIK STNPGISIGD VAKKLGEWNN NLNDSEKQPY ITKTAKLKEK180  
YEKDVADYKS KGKFDGAKGP AKVARKKVEE EDEEDGGGGG GGGGGTYSRV GWWSSPKEGE240  
RRN 243

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 655

QTKEFQVLKS LGKLAGSDS QSVSSSTQD PHRGRQTLGS LRGLAKAKPE ASFQVWNKDS120  
 SSKNLIPRLQ KIWKNYLSMN KYKVS YKGP GPG PGIKFSAEAL RCHLRDHVNV SMVEVTDFF180  
 NTSEWEGYLP KESIRTKAGP WGRCAVVSSA GSLKSSQLGR EIDDHDAVLR FNGAPTANFQ240  
 QDVGTTKTTIR LMNSQLVTTE KRFLKDSLYN EGILIVWDPS VYHSDIPKWY QNPDYNNFN300  
 5 YKTYRKLHPN QPFYILKPQM PWELWDILQE ISPEEIQPNP PSSGMLGIII MMTLCDQVDI360  
 YESLPSKRKT DVCYYYQKFF DSACTMGAYH PLYEKNLVK HLNQGTDEDI YLLGKATLPG420  
 FRTIHC 426

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 653

10 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 653:

RCVQGSHEVL SRKTSLLLAN PPGAAGPSGP QELALLSMGG KVYWVCRPRP IFLRMKTHL 60  
 CWFMTCAAG FGDAEVCRSI SGGLDAVLPF SLWCWLCGLC GTFCPLARCT LGRGGCGCSA120  
 RSVAAARSAP TPVGIGSLC 139

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 654

30 (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 655:

TEQEESSRRWP FGSIRILLLL ASLSWSIILH FPIIAHFICL CHFIKFRFLF PGHRLPPLRA 60  
LLGKFRKIDR DLWVFLMFF SACLHKEGIS GHLALWFLGV TFSHPDCIVR 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 656

- (A) LÄNGE: 356 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 656:

VGCASHAAQLH SAPELQTTTRQ ELSHALYQHD AACRVIARLT KEVTAAREAL ATLPQAGLI 60  
VPQAVPSSQP SVVGAGEPMD LGELVGMTPE IIQKLQDKAT VLTTERKKRG KTVPEELVKP120  
EELSKYRQVA SHVGLHSASI PGILALDLCP SDTNKILTGG ADKNVVVFDK SSEQILATLK180  
GHTKKVTSV FHPQDLVFS ASPDATIRIW SVPNASCQVQ VRAHESAVTG LSLHATGDYL240  
LSSDDQYWA FSDIQTGRVL TKVTDETS GC SLTCAQFHPD GLIFGTGTMD SQIKIWDLKE300  
RTNVANFPGH SGPITSIAFS ENGYYLATAA DDSSVKLWDL RKLRTLRLCS WITTLR 356

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 657

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear



- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 655:

TEQEESRRWP FGSIRILLLL ASLSWSIILH FPIIAHFICL CHFIKFRFLF PGHRLPPLRA 60  
LLGKFRKIDR DLWVFLMFF SACLHKEGIS GHLALWFLGV TFSHPDCIVR 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 656

- (A) LÄNGE: 356 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 656:

VGCSHAAQLH SAPELQTTTQ ELSHALYQHD AACRVIAFLT KEVTAAREAL ATLKPQAGLI 60  
VPQAVPSSQP SVVGAGEPMD LGELVGMTPE IIQKLQDKAT VLTTERKKRG KTVPEELVKP120  
EELSKYRQVA SHVGLHSASI PGILALDLCP SDTNKILTGG ADKNVVVFDK SSEQILATLK180  
GHTKKVTSVV FHPSQDLVFS ASPDATIRIW SVPNASCVQV VRAHESAVTG LSLHATGDYL240  
LSSSDDQYWA FSDIQTGRVL TKVTDETS GC SLTCAQFHPD GLIFGTGTMD SQIKIWDLKE300  
RTNVANFP GH SGPITSIAFS ENGYYLATAA DDSSVKLWDL RKLRTLRLCS WITTLR 356

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 657

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 657:

10

LAQIPELDRG VISRCSQVVT ILREGDASDG ARVAREVGHI STFLQVPDL LRVHGSCSKD 60  
ESVRVELCTG ERAAGGLICH LGEHTPCLDV RESPVLIIGG AQEIVASGMK AEACHSTLMG120  
PNHLYTRGIG DRPNPDSGIG GSRKHQVLGR VKHHAGDLLG MAFEGSQDLF RTFVKHNDIF180  
IRPTSEDLVG VGRAEVQGD PRNAGTVQPH VGCHLPVFAE LFWLHQLLRH SLPSLLALRG240

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 658

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 658:

EHNSKSSFIN IKRAYLAKDT QIKESLWLRT QGREVPGLCP CWARRRLGTK WEKCWEGLSG 60  
RGHKSSGGQH CRQVMGGTHG DLAANSCCGG VSLVLPPGGP LLGSWRGPTK GHRTGSPGWL120  
35 VQLGMKAREK RVLCSGRIGP DAEAEALPVT CGRSALSLPG TL 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 659

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 657:

LAQIPELDRG VISRCSQVVT ILREGDASDG ARVAREVGHI STFLQVPDLD LRVHGSCSKD 60  
ESVRVELCTG ERAAGGLICH LGEHTPCLDV RESPVLIIGG AQEIVASGMK AEACHSTLMG120  
PNHLYTRGIG DRPNPDSGIG GSRKHQVLGR VKHHAGDLLG MAFEGSQDLF RTFVKHNDIF180  
15 IRPTSEDLVG VGRAEVQGD PRNAGTVQPH VGCHLPVFAE LFWLHQLLRH SLPSLLALRG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 658

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 658:

EHNSKSSFIN IKRAYLAKDT QIKESLWLRT QGREVPGLCP CWARRRLGTK WEKCWEGLSG 60  
RGHKSSGGQH CRQVMGGTHG DLAANSCCGG VSLVLPPGGP LLGSWRGPTK GHRTGSPGWL120  
35 VOLGMKAREK RVLCSGRIGP DAEAEALPVT CGRSALSLPG TL 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 659

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 659:

RLWTAFHGLR AGDEATTRPG LPEHLHGPAV SHRGDQQRDP AYLCWQQRH GAPEERYHPC 60  
PGPSQRVFGR DRAERPHVTG SASASASGPI RPLQSTRFSL AFIP SCTNHP GLPVLCPLVG120  
5 PLQEPRSGPP GGSTKDTPPQ QELAARSP 148

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 659:

RLWTAFHGLR AGDEATTRPG LPEHLHGPAV SHRGDQQRDP AYLCWQQRH GAPEERYHPC 60  
PGPSQRVEGR DRAERPHVTG SASASASGPI RPLQSTRFSL AFIP SCTNHP GLPVLCPLVG120  
5 PLQEPRSGPP GGSTKDTTPQ QELAARSP 148

**Patentansprüche**

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-157, 597-617, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 1500 bp aufweist.

**Patentansprüche**

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.
  - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
  - 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-157, 597-617, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäur -Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 1500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 5
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 10
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 15
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 20
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 25
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 30
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 35
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 40
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.



9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 10 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 20 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 25 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 30 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 35 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 40 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 45 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert

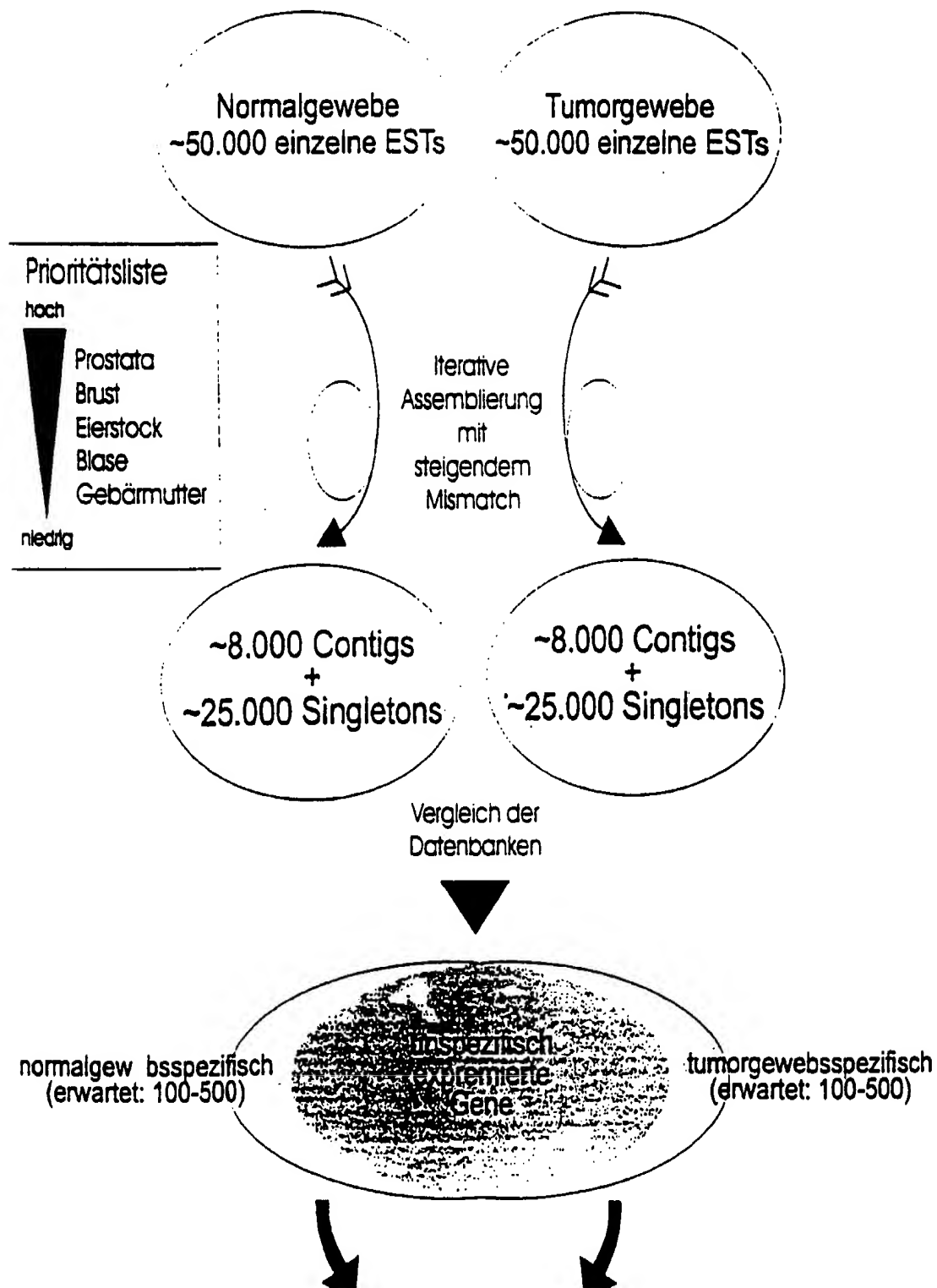
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 5 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659.
- 15 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 20 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor.
- 30 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.
- 35 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 in sense oder antisense Form.
- 40 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Pankreastumors.
- 45 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 5 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659.
- 15 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 20 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor.
- 30 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.
- 35 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 in sense oder antisense Form.
- 40 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Pankreastumors.
- 45 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.

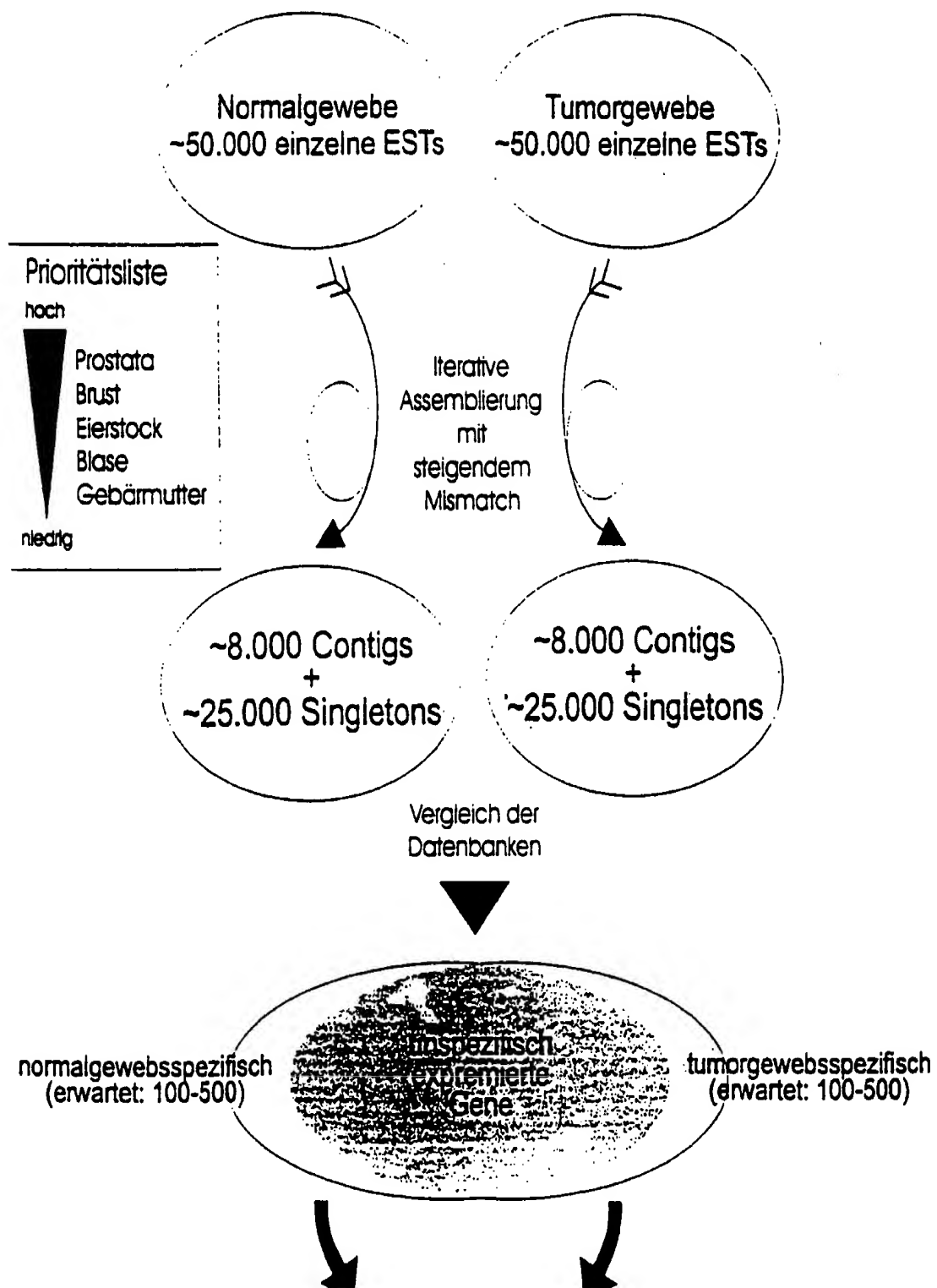
- 5 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 10 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617.
- 15 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33 zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 20 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 25 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

- 5 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 10 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617.
- 15 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33 zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 20 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 25 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

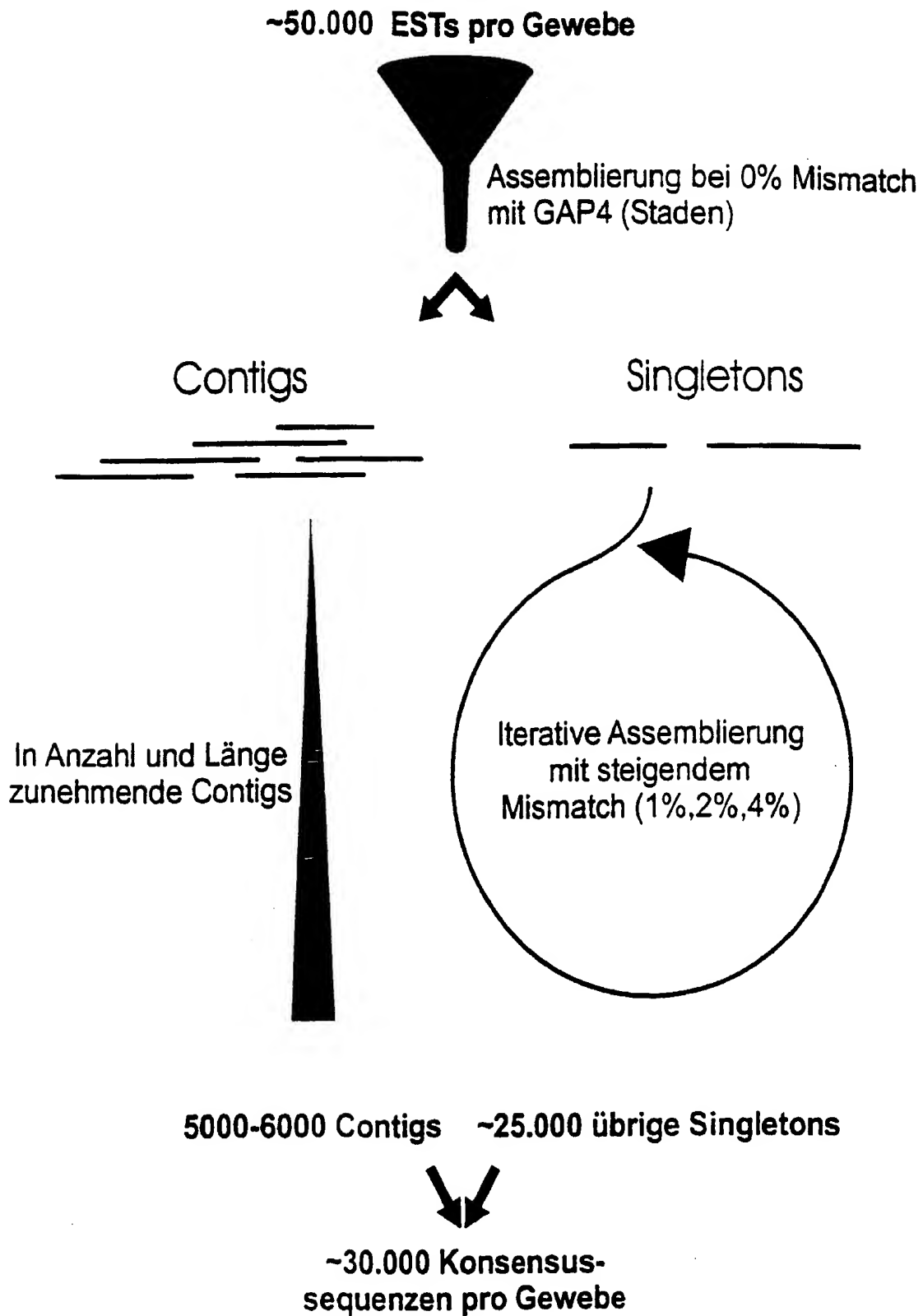
## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank



## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

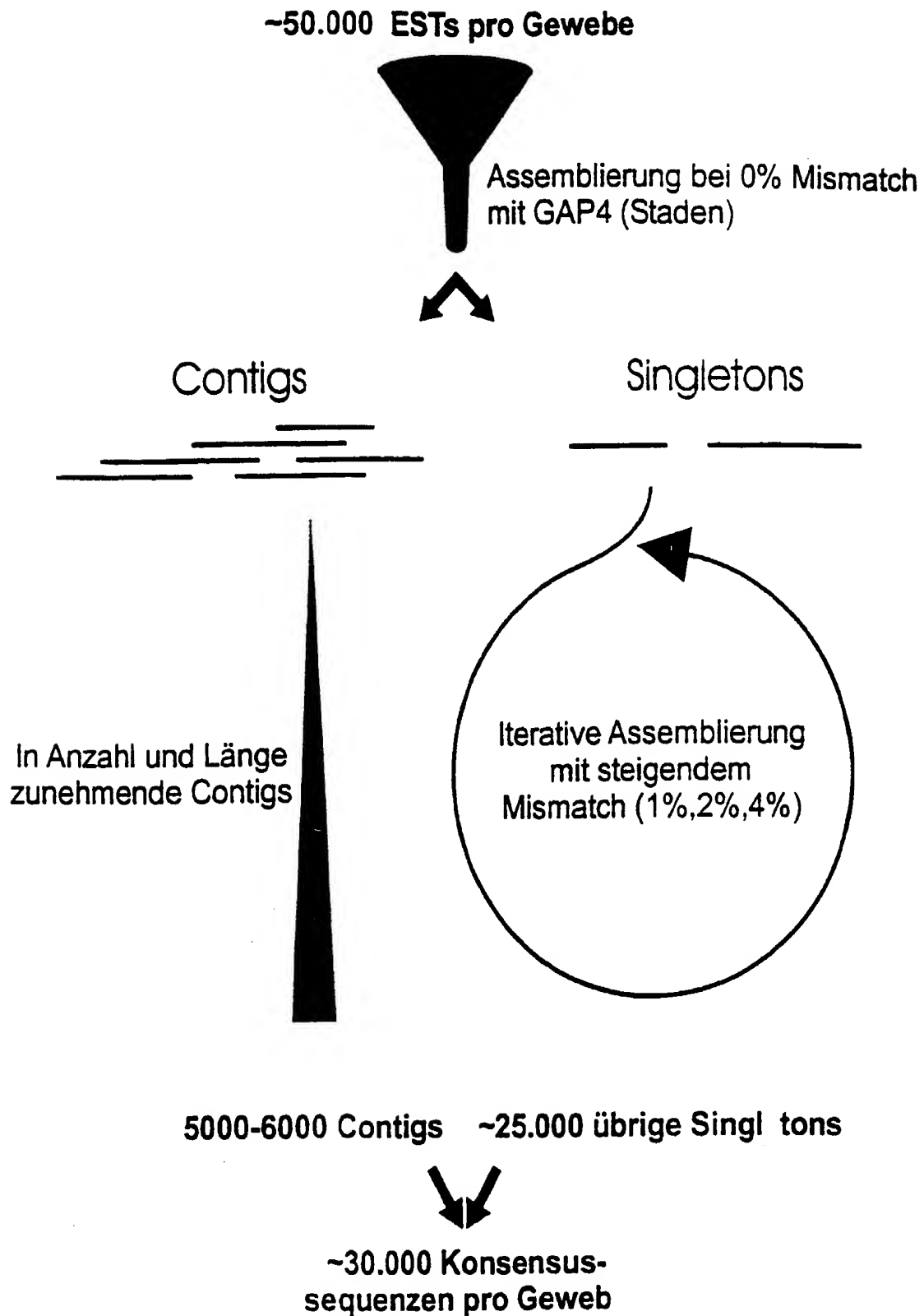


## Prinzip der EST-Assemblierung





## Prinzip der EST-Assemblierung



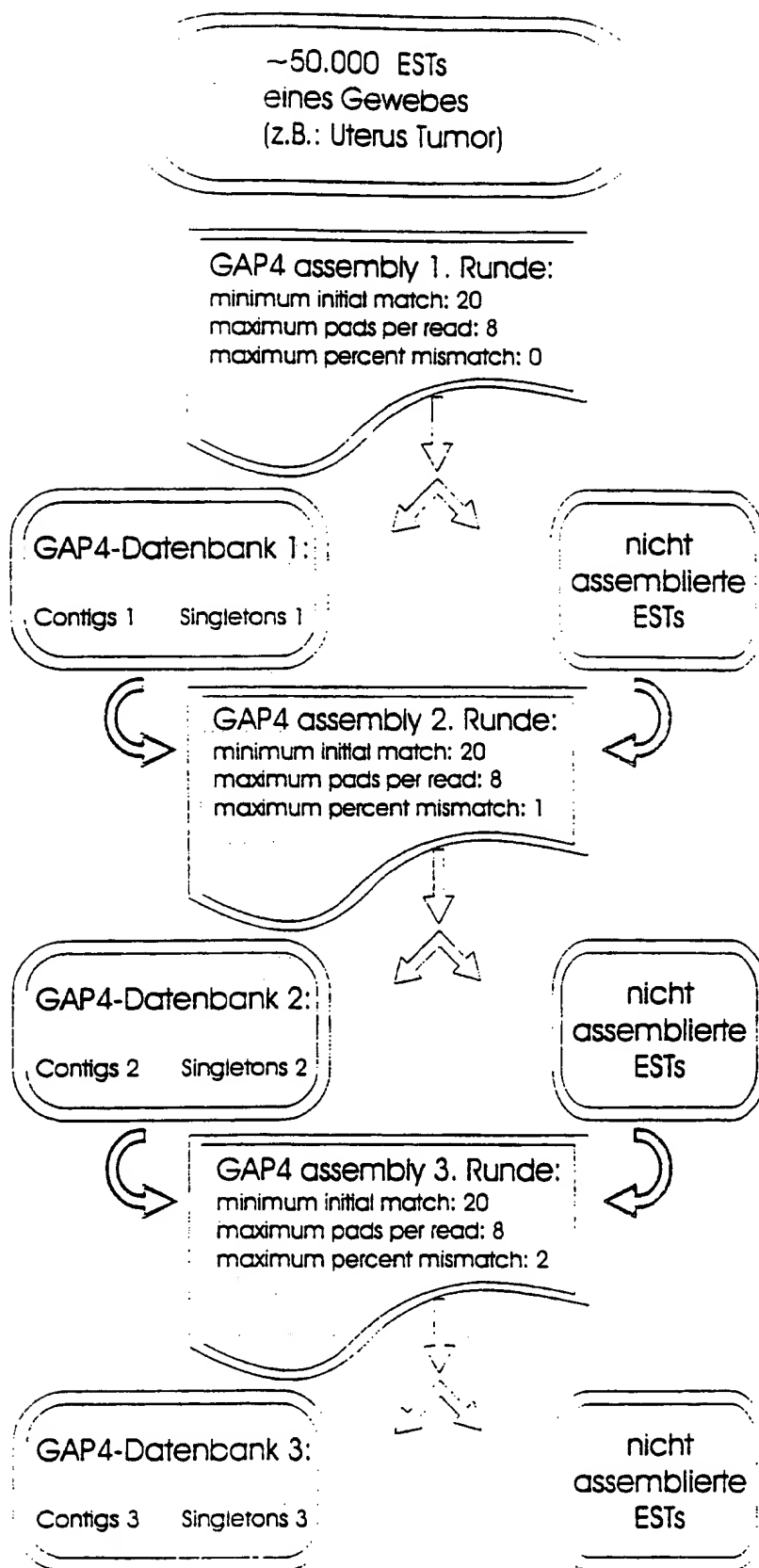


Fig. 2b1

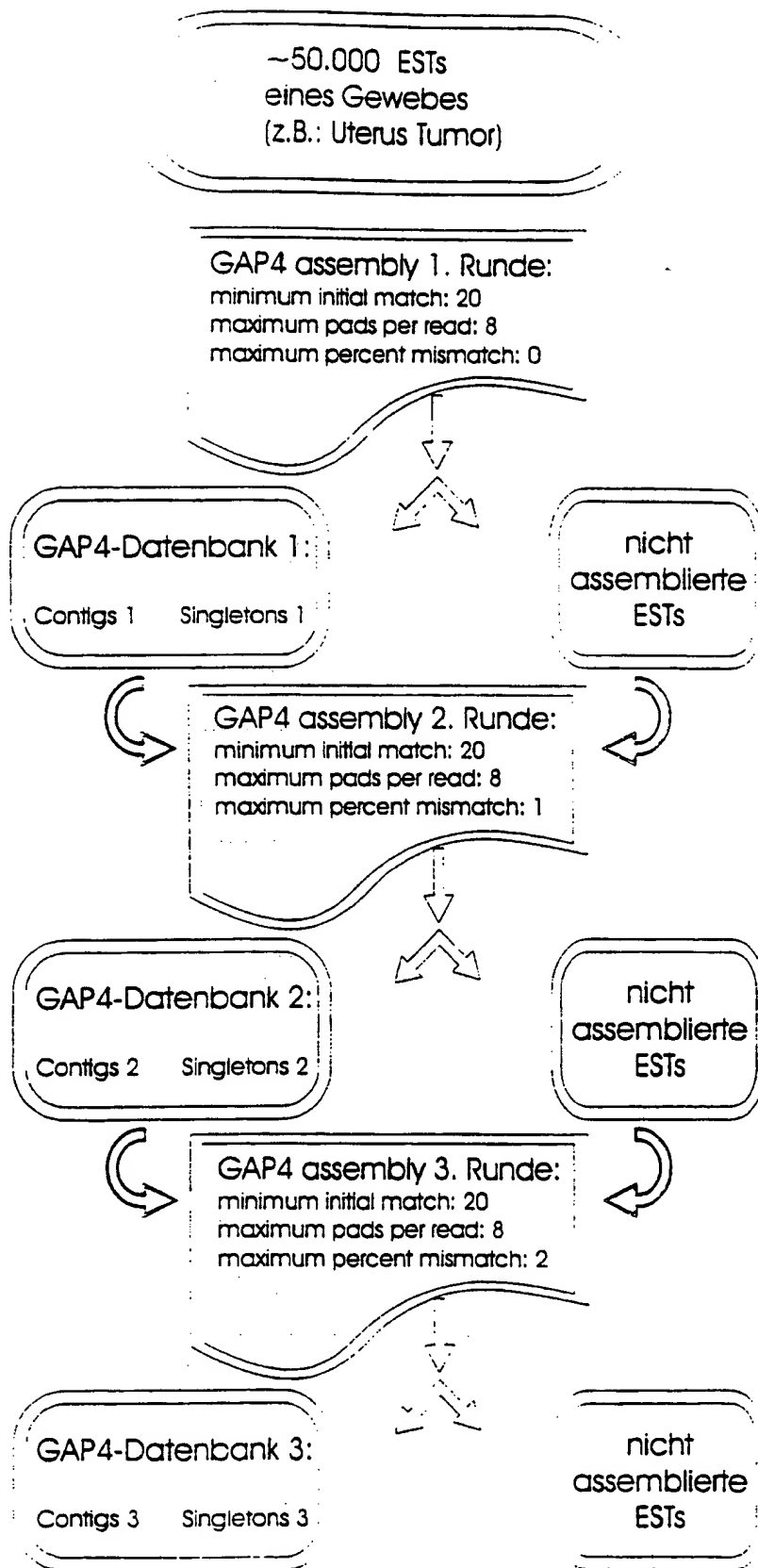


Fig. 2b1

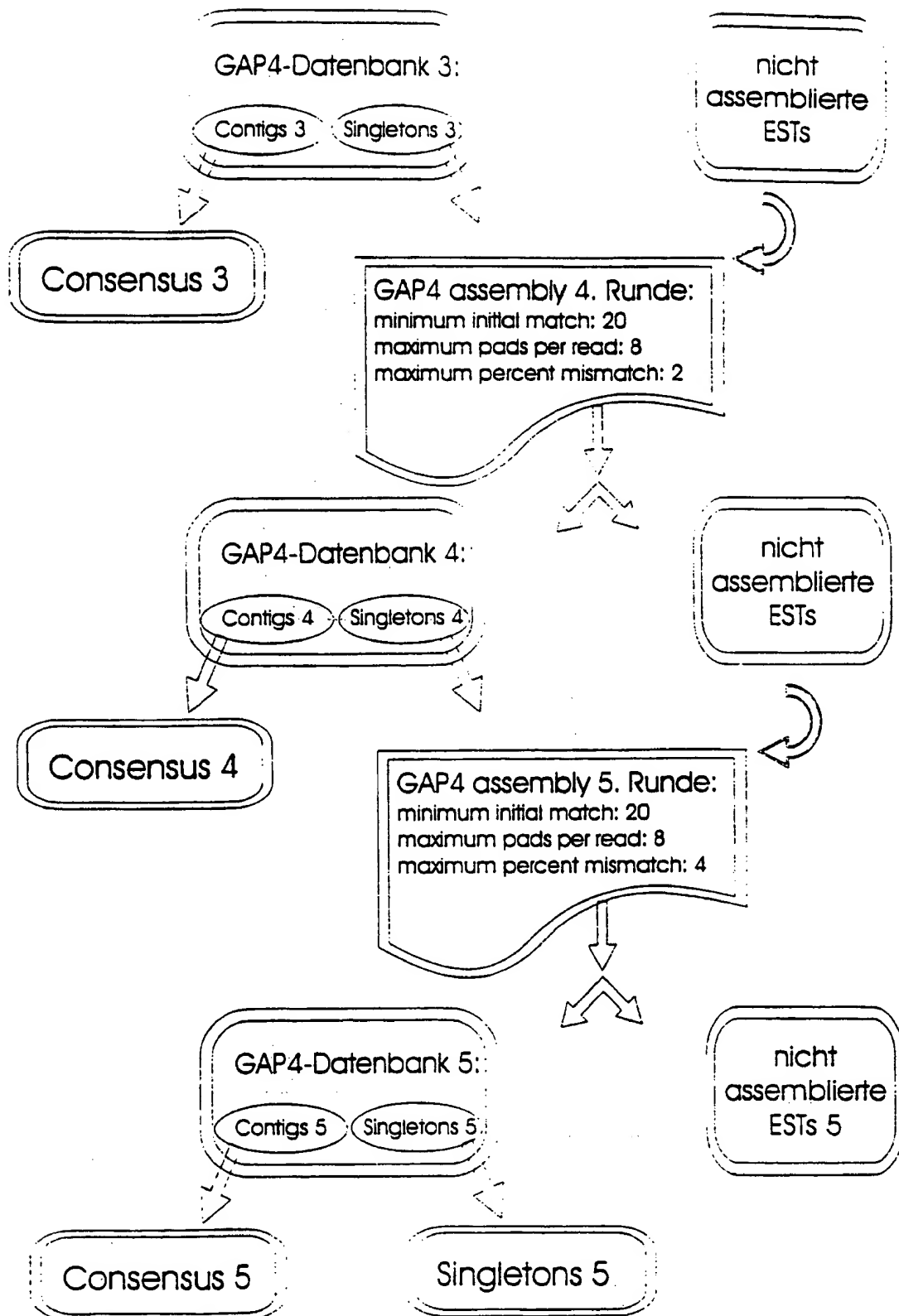


Fig. 2b2

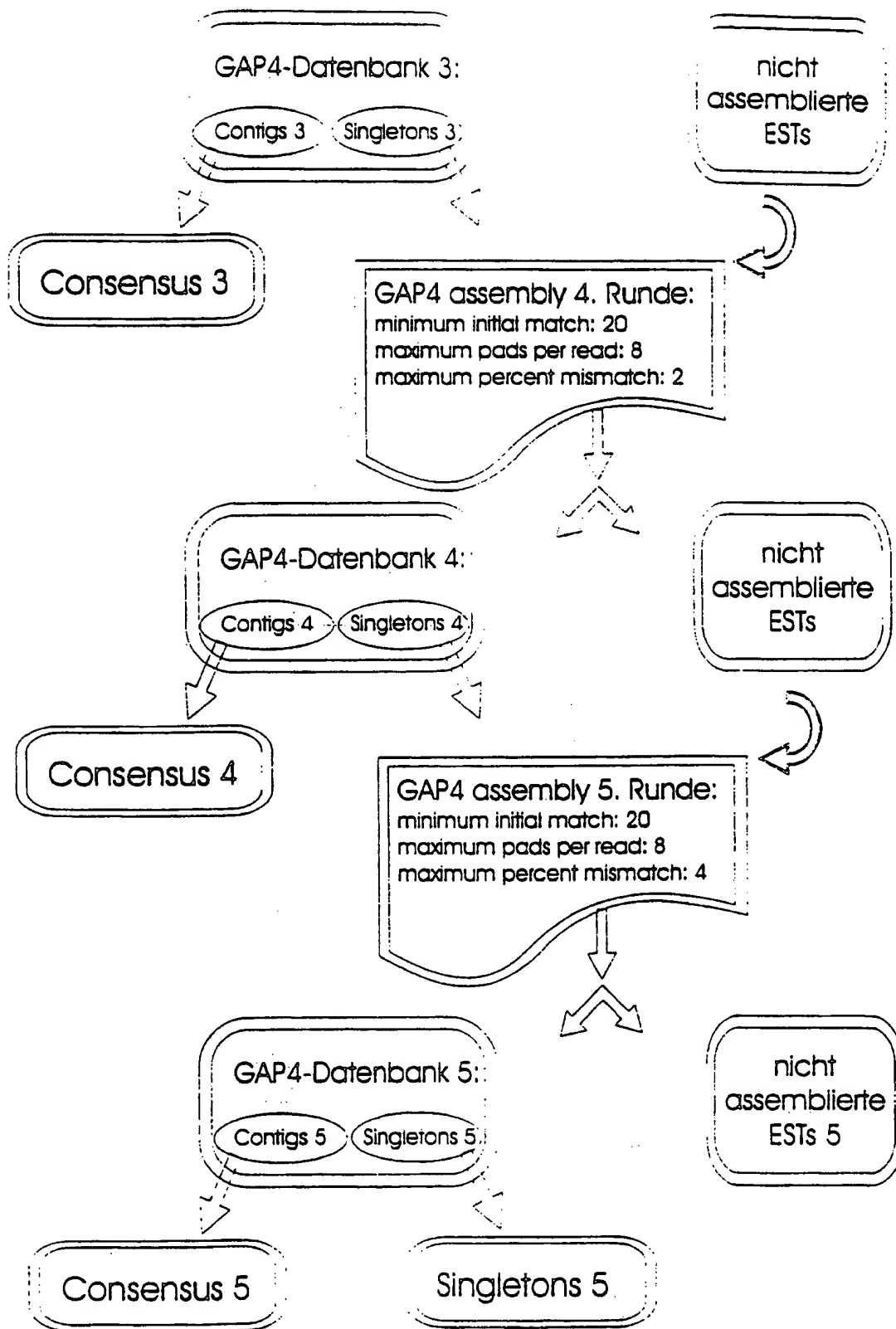


Fig. 2b2

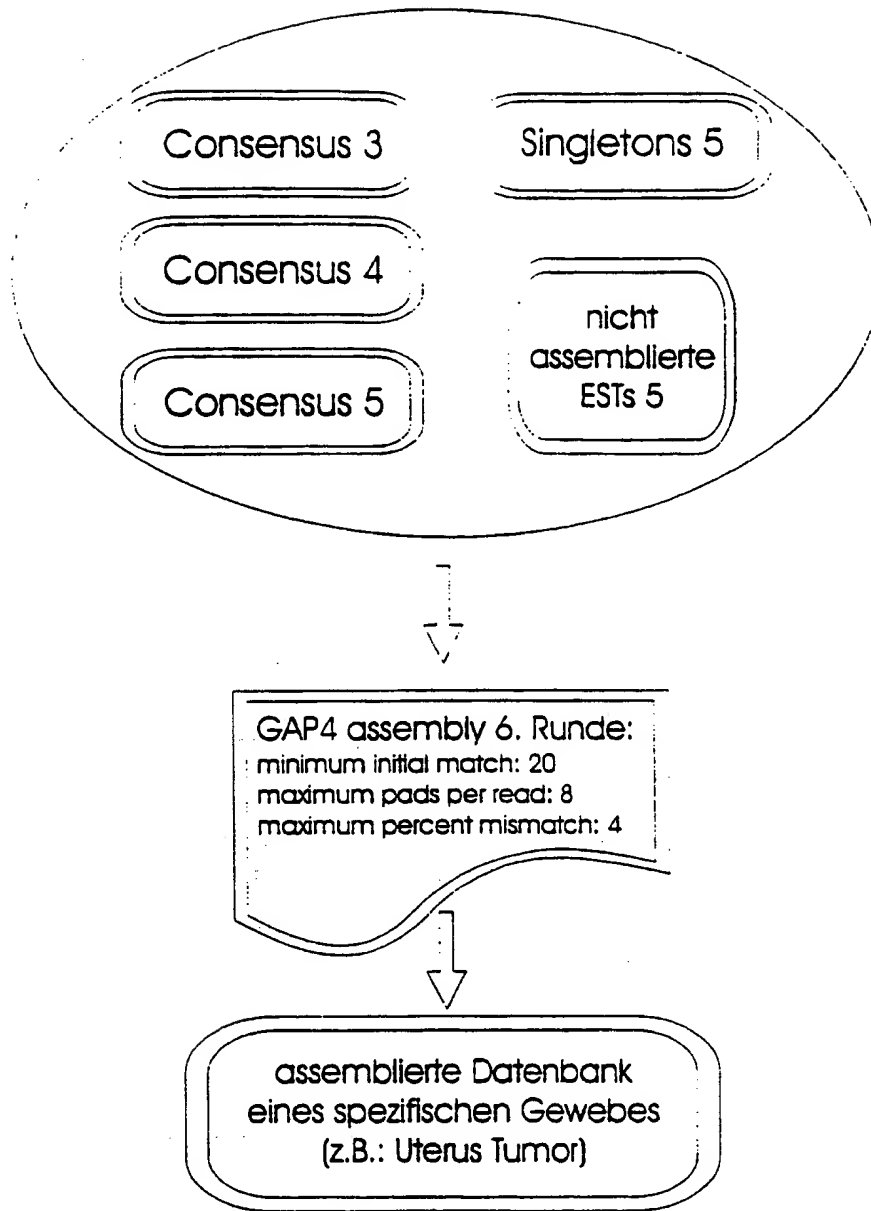


Fig. 2b3

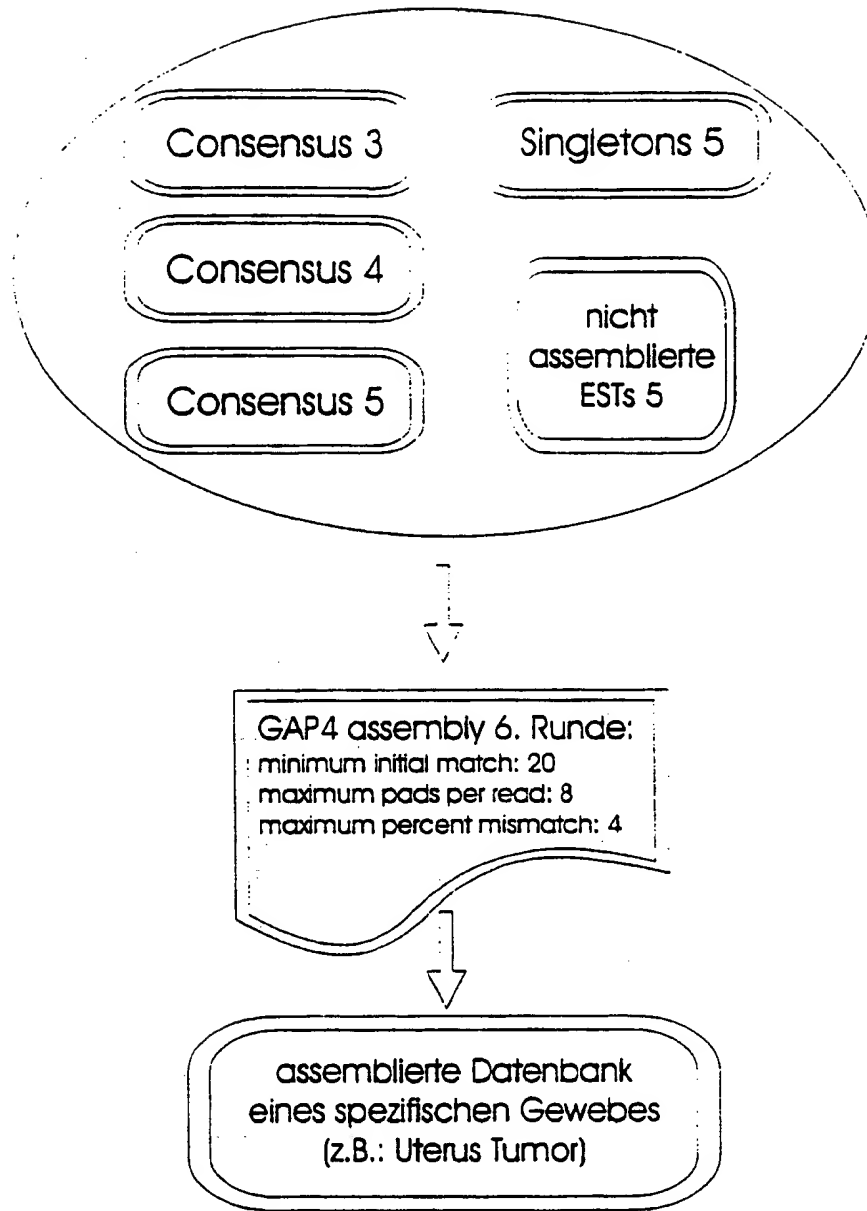
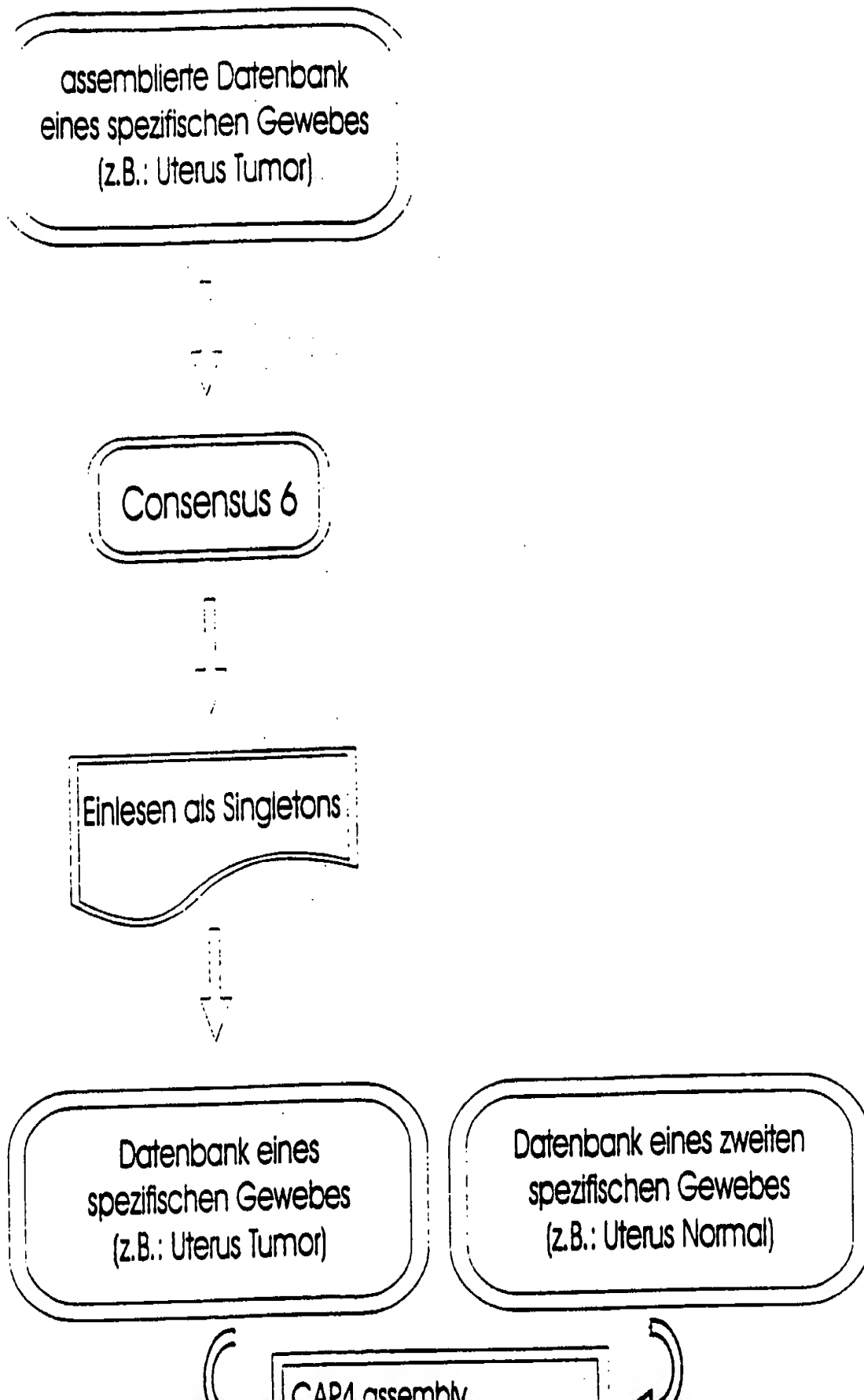
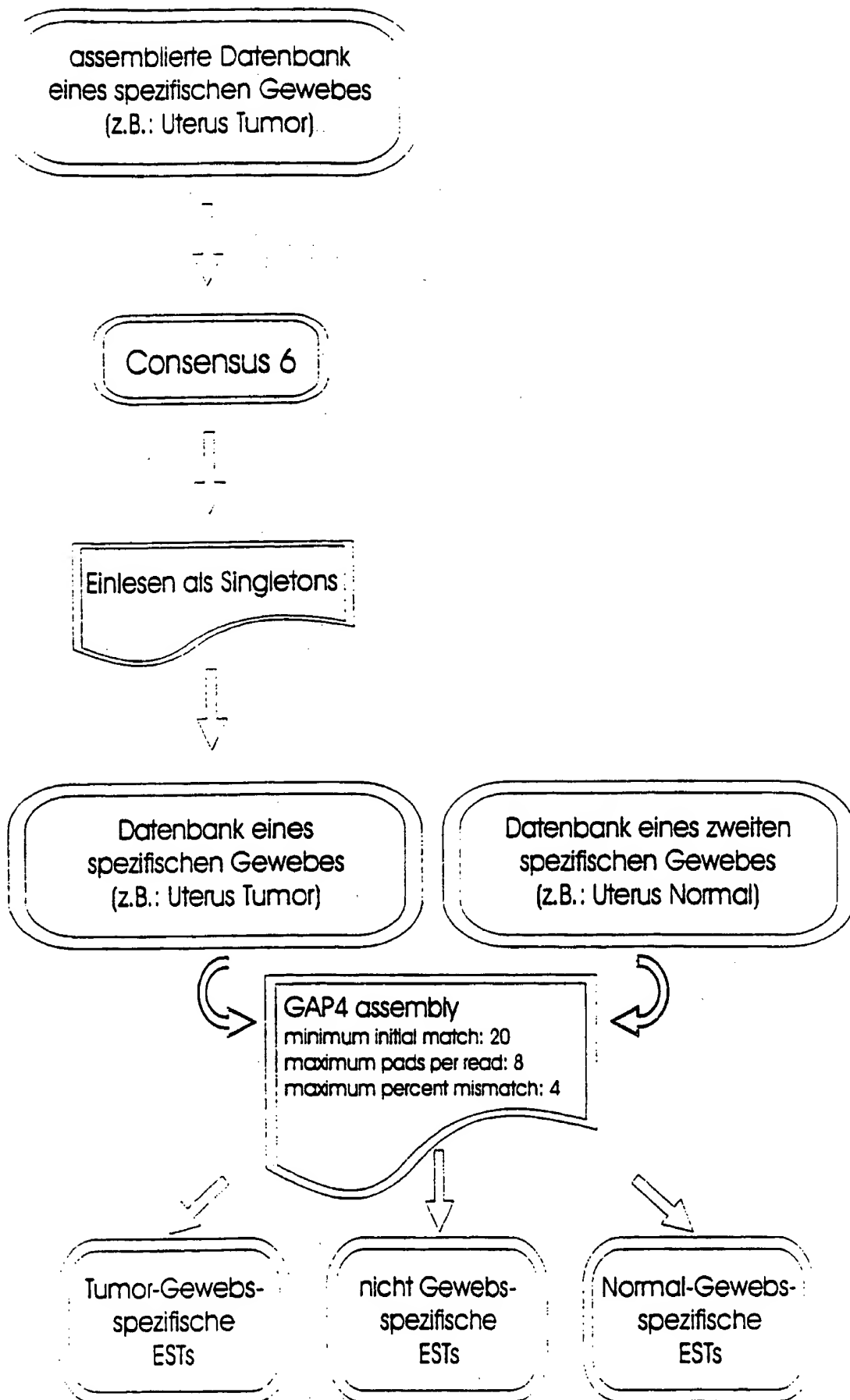


Fig. 2b3







# Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

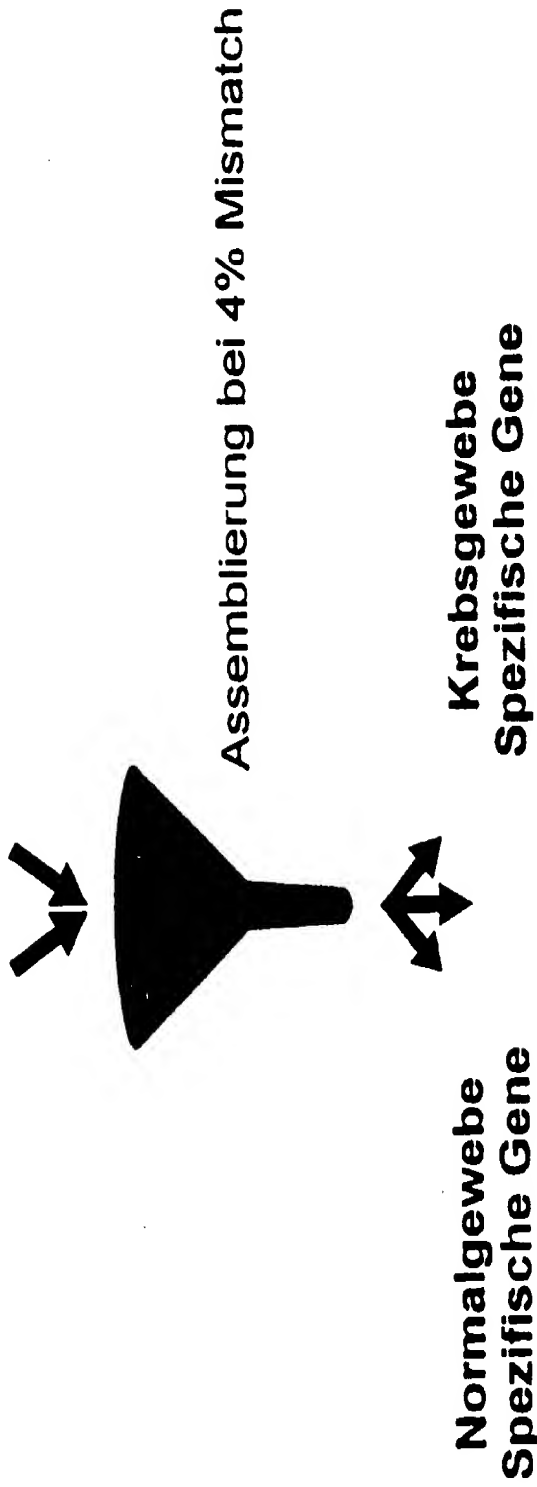
WO 99/55858

7 / 10

PCT/DE99/01258

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Krebsgewebe



In beiden Geweben  
exprimierte Gene

**metagen**  
Genomik und Bioinformatik

# Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

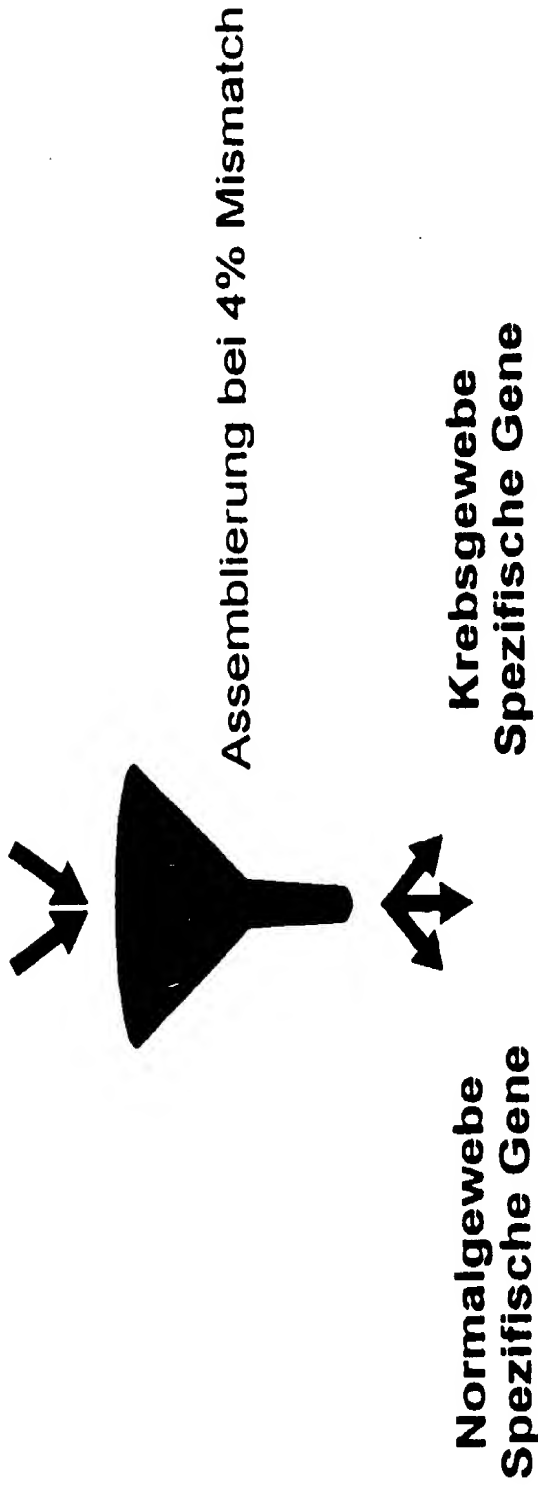
WO 99/55858

7 / 10

PCT/DE99/01258

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Krebsgewebe



In beiden Geweben  
exprimierte Gene

**metaGen**  
Genexpression in verschiedenen Geweben



Gene von Interesse



Bestimmung der  
gewebsspezifischen  
Expression über  
elektronischen Northern  
( INCYTE LifeSeq und  
öffentliche EST  
Datenbanken)



Kandidatengene für  
Tumorsuppressoren oder  
Tumoraktivatoren



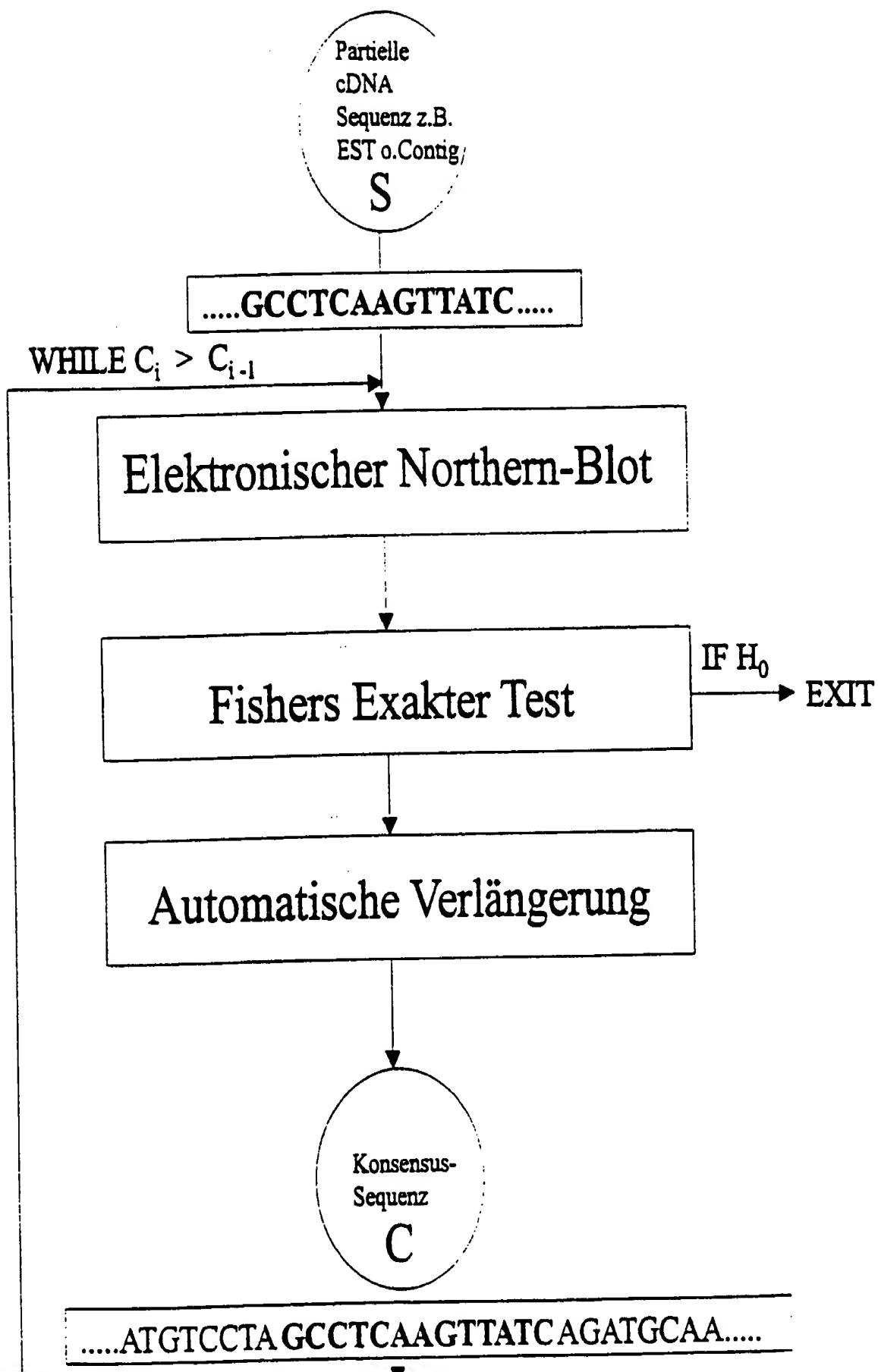
Gene von Interesse

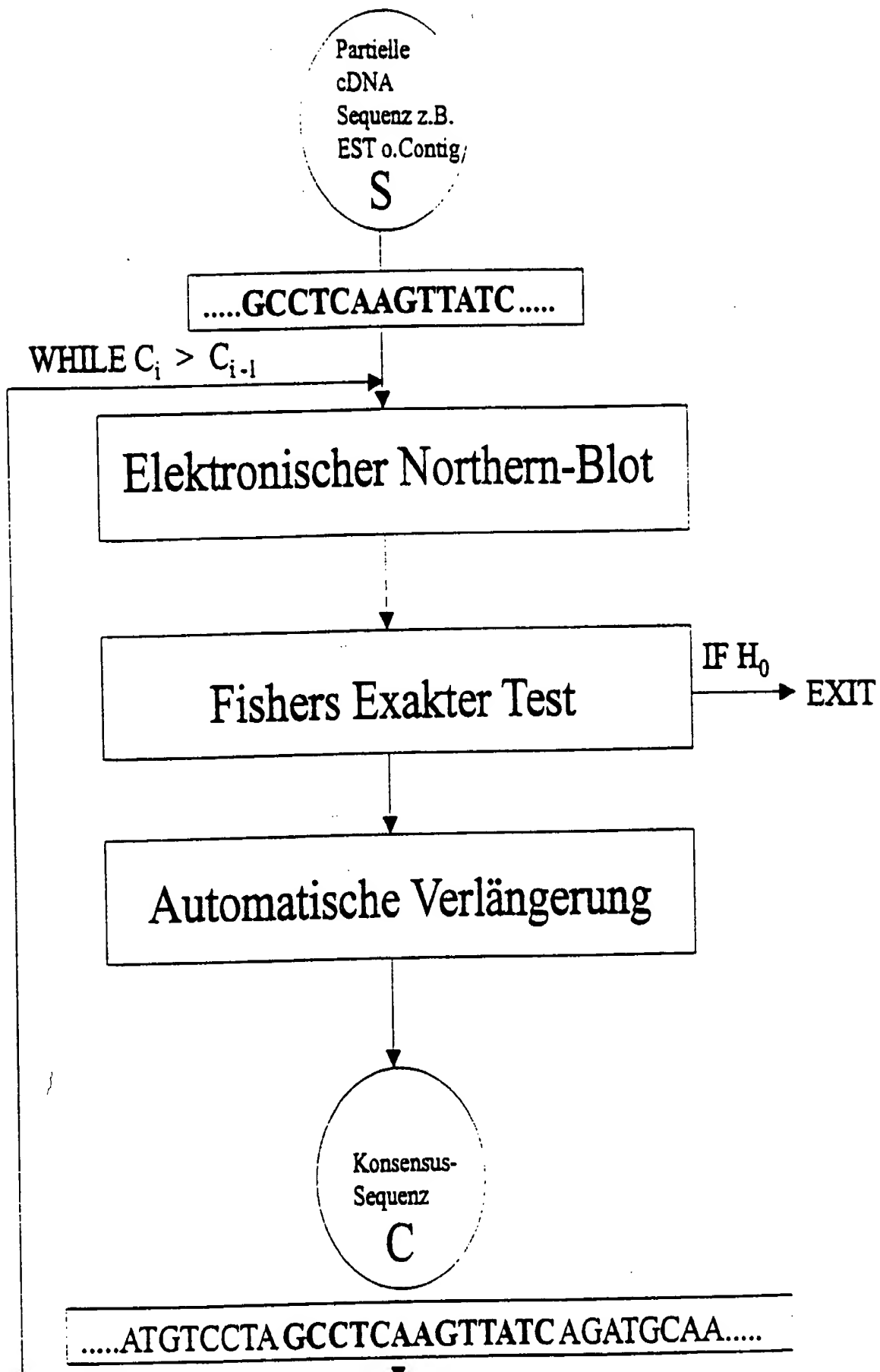


Bestimmung der  
gewebsspezifischen  
Expression über  
elektronischen Northern  
( INCYTE LifeSeq und  
öffentliche EST  
Datenbanken)



Kandidatengene für  
Tumorsuppressoren oder  
Tumoralaktivatoren





Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben



Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben